

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

BEST AVAILABLE COPY

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovartumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovartumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

35

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

45

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

50

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

10

15

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

30

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

35 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

50

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

15 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovariumtumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duenn darm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
10	Zervix	0.0426			

FOETUS

%Haeufigkeit

15	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
20	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
25	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

30	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
35	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
40	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0000
45	Uterus_n	0.0083

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0117		0.0128		0.9153	1.0926
	Brust	0.0090		0.0169		0.5293	1.8893
15	Duenn darm	0.0092		0.0331		0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0030		0.0234		0.1279	7.8175
	Endokrines Gewebe	0.0204		0.0426		0.4795	2.0856
	Gastrointestinal	0.0211		0.0185		1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274		0.0195		1.4020	0.7133
20	Haematopoetisch	0.0107		0.1136		0.0941	10.6267
	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0194		0.2451	4.0800
	Herz	0.0307		0.0137		2.2358	0.4473
	Hoden	0.0115		0.0819		0.1406	7.1142
25	Lunge	0.0104		0.0286		0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0153		1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188		0.0300		0.6282	1.5918
	Niere	0.0163		0.0342		0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0132		0.0110		1.1966	0.8357
30	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0174		0.0234		0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270		0.5277		0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0408		0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
35	Brust-Hyperplasie	0.0160					
	Prostata-Hyperplasie	0.0297					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095					
40	Zervix	0.0106					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
45	Entwicklung	0.0696					
	Gastrointestinal	0.0167					
	Gehirn	0.0626					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
50	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0285					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0303					
	Prostata	0.0997					
	Sinnesorgane	0.0126					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
60	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
65	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0000					

Gastrointestinal 0.0000
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0097
 Hoden 0.0000
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0010
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0155
 Uterus_n 0.0000

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID
 No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe
 vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
25	Blase 0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe 0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
30	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
35	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
40	Niere 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
45	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0445			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0213			
55	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
65	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

FOETUS %Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0083
 Gehirn 0.0125
 Haematopoetisch 0.0157
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000

65

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
5	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3.

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0093	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0309	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0100	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0250	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0426			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0056	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0249	
	Lunge	0.0181	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0499	
50	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136	
55	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0041	
	Gastrointestinal	0.0244	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0110	
65	Prostata	0.0274	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0458	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0071
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0090		0.0038		2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0119		0.0100		1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0015		0.0031		0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0109		0.0043		2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0528		0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0217					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0076					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
65	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
45	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
50	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
60	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
65	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust 0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duendarm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0702	0.0426	23.4526
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0556	0.0278	2.0018	0.4995
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0065	0.0255	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0357			
	Samenblase 0.0890			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0213			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duennndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
15	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
20	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0626
40	Haematopoetisch	0.0590
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0650
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0432
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0573
	Nerven	0.0181
65	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.3189		0.0153		20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0026		0.0000		undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0286		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0075		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0030		0.0072		0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021		0.0041		0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0054		0.0137		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000	
50	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0070	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0020	
	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0291	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555		
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796		
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982		
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849		
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268		
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072		
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723		
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941		
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755		
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176		
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143		
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821		
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0520					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0181					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0371					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0126					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust 0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm 0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn 0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz 0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139			
	Zervix 0.0106			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0222
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0072
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0304
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
	Gastrointestinal 0.0488
60	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0162
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0090
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duenn darm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0528
	Gehirn	0.1189
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0818
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0366
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0389
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0120
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102		1.1441	0.8741
	Brust	0.0038		0.0056		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031		0.0165		0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060		0.0390		0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0102		0.0251		0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0093		0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140		0.0082		1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053		0.1515		0.0353	28.3379
	Haut	0.0220		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0148		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0104		0.0184		0.5645	1.7715
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0180		0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109		0.0137		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0099		0.0110		0.8974	1.1143
	Penis	0.0180		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0043		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0835					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0375					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0213					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0203					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0244					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0162					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0241					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2721			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.2685			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0126			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duenn darm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duenn darm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
15	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
20	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenn darm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.2302			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.1632			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duennndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1084			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0256
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0583
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0491
65	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0821
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0416

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777		
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687		
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326		
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722		
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487		
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451		
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689		
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600		
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775		
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510		
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610		
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000		
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678		
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0250					
40	Haematopoetisch	0.0157					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0285					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0377					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0065					
60	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0191					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0155					
65	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duenn darm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
10	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
45	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0628			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.1220			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
	Nerven	0.0502			
65	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duendarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0341			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0047	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0040	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duenn darm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duennndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1381			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0735
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL .	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
25	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0325
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0249
55	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
70	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0205
75	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust 0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duenn darm 0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock 0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal 0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0330	0.0800	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz 0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere 0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas 0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis 0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein 0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie 0.0608			
	Prostata-Hyperplasie 0.0476			
	Samenblase 0.0623			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	Zervix 0.0213			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0500
	Gehirn 0.0876
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0142
	Lunge 0.0434
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0556
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.1130

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0047
	Gastrointestinal 0.0488
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0410
	Nerven 0.0402
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0375

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duenn darm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0408			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0056		0.2268	4.4083
	Duendarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022		0.0031		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0010		0.0061		0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0021		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0155					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duennndarm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
10	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
15	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
20	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
	Lunge	0.0867			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0466			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1474			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075	4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801	0.6756
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234	0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5666	1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206	0.9799
20	Niere	0.0157	0.0145	1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0069			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037	0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907	0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466	0.9555
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539	3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091	0.0412	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050	0.9049
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0384	0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537	0.0289	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109	1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498	1.0528
	Duenn darm	0.0247	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354	4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0128	2.8338	0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895	1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499	1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934	0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504	0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0426	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0246	0.0145	1.7022	0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066	3.2617
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112	1.4061
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408	0.5745
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0320	0.2267	4.4110
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627	1.7770
	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453	1.1830
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836	5.4469
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068	0.2852
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208	1.3873
	Duenn darm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889	2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961	0.5896
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538	0.6047
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0193	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573	1.0446
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086	1.6431
	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353	7.3931
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11				
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542,2540,2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumorgewebe überexprimiert	P52r1PK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	Cda1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH;SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13-q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWP		
38	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	sISG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S; cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205y10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDA16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidoored_q1_N		
44	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21-p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	sISG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08; D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581; D7S499-D7S2429
52	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B.taurus mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovariumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046; D15S1187)
59	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089;; Cda01g10; D16S419-D16S415

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tetrapeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredoxin	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131;; siSG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477;; WI-14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; WI-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G_PROTEIN_RECEPT OR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTi;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602/WI-2775,WI-7265)
108	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal_histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Ichn protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S280
114	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;;WI-30446
115	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-GI	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	in Ovartumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S284
121	in Ovartumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovartumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15
- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovartumorgewebe
- 20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284
- (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccggc tacaccgaa ggtacccaaa 60
tatgggtagg tccggttttc caacttgcca aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
ataaaatttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
5 ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttccccaat taaaaactgg 300
ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atgggtcaact 360
gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta actatatgta 420
ttttaactta gttttaatat ttccattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10 aaagcacatt tggtttatta acccttgctc ctgcatggc tcattaggtt caaattataa 600
ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtctt gagtttccca ttttaaaatc 660
taaactagac atcttaattg gtgaaagttg tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
gtgtcaagtg aagtgttttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15 catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgtagg1020
ttggaacagc agcactatac atgaaatata aacaaaaaac ctttactgtt tctaaatttc1080
ctagattgct attatttggg tgaagtgtga gtattccaca gaaagtgtta attatctct1140
20 ctctcttctt ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca1200
cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagtgt tctaggattg tcttttattc1260
tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc1320
acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttta aaatattgga1380
catcttcaat ctttaacatt tctatttagc tgattgggtc tcacatatac ttctaaaaga1440
25 aacttttatg ttataagagt tacttttggg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
ttctgacatt ttagggaagg ggttaattgtt ttaaatgatg gataaacttg tgctgggtgt1560
ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
tttacacaca tacgtgtcac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgaccattg1680
ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtggt tttagacttt tcaagtatct1740
30 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
agaaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tctgtgagaga1860
caacatagca atatctggta tgttgcaagg tttcaagata gcctgaactt aaaaagt1920
tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgccctctag ttcaactttgt gtcaagagct1980
aaaactgtga acctaaactt ctctatttgg tgggtaataa ctgaaaataa agatttattt2040
35 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
gtttctctgt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataa2340
40 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
 ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
 10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttggttc tagaagtcca gaattttgga180
 cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
 cctcagagta gcaaagtctt tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
 tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgattt360
 tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
 15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
 gaccacctca gatctctatt attagcttag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
 ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
 gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
 cctcacactg tatagtcat tataggacgt caggtttggt gaaaaaagtg ggcaagacat720
 20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttgat aaagactttt taatttttaa780
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

attccaaaca tggcggtcc actagggggt atgtttttctg ggcagccacc cgggtcccct 60
 caggccccgc cgggcttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgtcct120
 50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
 tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt240
 gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia300
 aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
 ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
 cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480

cagggtcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga gggtggccac600
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
 ttagttttat gctccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
 5 gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta780
 gcaaagtta gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt840
 ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagagg 120
 35 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctt ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaaag cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg tttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagtga agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
 cgatgtagt gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 45 tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttctt gtgccttaaa 780
 tatgtggttg gcaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtttgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttgaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaa gggtaagaaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aattttagtg gaactcctgc aagcacttgt 1020
 50 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggaataact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt 1140
 tcttaaaaaat gtccatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtcttc tttgcggccg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260
 tggaaaatat tgaagtttat catgaattt ggtttgagga agccacaaa ttggcaacca 1320
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgag agctcaccag ggtaacttgg 1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatattattc cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500

tatctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
 ctgacatgta tagaagtgc ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
 ggagaatcaa atggaaacac agggggaaaag atataagagct tccgtccacc atctatgaag1680
 ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggtcctgt1740
 5 gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
 aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaagggtcaag taacttggct ttgcttaaca1860
 taaattttga tataaaacac gacctggatt taatgggtgga cacatatatt aaactctata1920
 caagtaagtc agagcttctt acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
 ttaaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaaagaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
 10 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
 atctacctgt ttaaattggc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
 ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctgtt gatggcactc2220
 tgggaattgtt tcagttaagt cattttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
 ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
 15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
 agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
 tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
 aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
 tggagcctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
 20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt tttctctgt2700
 ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
 tacaaaataa gtgttgttgt ttatctagaa aaatattgaa aatattgctg ttatttttgg2820
 tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2901
 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

50 aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
 acaacatgac cggaagatt tcctaattct accacagcct ggctctacct taagtcttta120
 ataaaagctt gactgaagg accaagggtg gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
 cagcatggta gacatcagtg gtggaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
 55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttgttcc300
 agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgttaa360

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgac gaaggatgga ttctccatt420
 ccataaccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaaaa480
 agattgtttt tggtttgagg gcataggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg ttttctcact cttctttttt tccttctttt 60
 atccctcact cctcccccac aacctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
 tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
 attattcacc cacttttttt agtatctact aacaactcct ttttttctct agagagttat 240
 35 gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttgtt ttatcagcag 300
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
 gcttgtrgc actgattact ccaggatcca aaaacttggt gaaagtcact gaaacactca 420
 aggcaaatca ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
 cccattggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtatct tcttgaactg aaatatgtga 540
 40 ctcaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttgcc attattgtgg acaagttgac 600
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa atgcatcttt cccttgcctt 660
 gtctttaact agatatacat gcttatatct atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
 tgtatgaaat ttttatttat atcagtgcct ttaataatga agatattttt ggagtaattg 780
 tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840
 45 tgtttcatat taacaatttt tttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
 attaaaaatc tttgaatatg tatgtctgta tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
 ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaaata agttgaagaa1020
 ttttatttcc tgaccatgca tcccttgat tcttgagttt cagttcagat tgtagatgac1080
 aatataagct gccttcgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtcattt tccccatggall140
 50 agaagcccgat agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagttaaag1200
 tatttttctt attaatgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttccttctta1260
 ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgat gttgtttctt tataaatggt1320
 tgagctgctg atgcaggtat tgccaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380
 gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
 55 acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtataca taattggtga1500
 gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggt aaatactatc1560
 cagttttgta gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgattttaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tggtgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtcaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttaca agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtggtttttt gttttgttt ttgtttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt ttttttttt tttttcctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
ctgtttggat tctatattag tggctcgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggtctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
15 ataagctgg ttttctgac tttttgttt ttatatatt tataaaaaa gaaaaagt2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tgttaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgatata ggtaaggaaa cagttggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gtccattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaacaccg attccccatt gtgtaaataa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaa gaaacaaaa aaaaaaaa 2809

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:
- 45 agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tcctcgatcat ggaaagggtgc 60
caaaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgagg120
cttttgattt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttgagg180
gccaatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgggttt cctagctcca taccacacac ctaaacctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacac tacttctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttgggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720

gacttggtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
 tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
 gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
 aaaaaaaaaa 910

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggtt ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
 catgccttgc gacctgggtt cttatccact ttgtcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtgggtcaa 420
 tttaatcggt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaat ctgacagtgg ttccagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggtccc 660
 tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtgga tcagaatcaa actggtagat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcca 900
 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
 gacatatttt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
 aaatgaaaat tatagcta atgttttctt caaactctgc tttctgtaac caatcagtg1200
 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaaccatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat tttttgttc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```
agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgccgcgctc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gacccggggc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
cccatgaaag ctgtgggact ggctggggc atcggcttcc ctgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcc caggtttggc ccagattcca gtctgtgcct ctgaggtcca540
ccagaggcg catgaagccc aggtgtgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 803 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaaagt tcgatggact120
10 gggtctcggg cactggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaaaaaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaacatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgca tagtggatc cactatgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgggtgatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaag ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaa aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgtgga gatccgagg ggccgacagg attcgttggc120
50 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacggtcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgcagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctgggaa aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
atggacaaaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tggggatgaag540

tacggaataa tttgagtaga cggggccctc ttttggtgga tgtagcacia tttccacact600
 gtgaaggcag tattagaaga cttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
 gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggtac720
 ctaagtaaaa agcctggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gcccatggc780
 5 cttggatggt ggaagaccgc caagggaag gaaccaccag gcccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

30 ttggtttccg ggcacaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
 tggattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtggtggtt tatttgattt tgattttttt120
 ttcttttatg tgatctttgg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
 tagtgcttag ggtaatttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tggttgattg aacaaaataa tatgtatttt360
 gatttactta aagtgttgtt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
 40 tgggaaccog acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
 cttgtctaata tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttggt120
15 gggttcattt ttttgaatca accacacttc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gtttagacct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaatt gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact cttaaaggcct360
gggtggatca aattgctggt cagagggaa atacagggaa atggtaatgg tagactcact420
20 aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctgggc catagtgtcg600
gatctcataa cttccgggct gggggccggc gtcctccggg gccttccagc ccggcgtctc660
cacagcttgg gccgccgcgt cctcggccgc cccggggctt ggctggagcg gctcggccat720
25 gggcggcgtg acgctctggg agcctggta gccgcgcaga ggccccgcac cccgggcccgc780
cccgcctgcg tgtgcgcgcc ccgcgaggg cccgagtcct cctccgcaga cccggtccct840
cctcccgcc gggctggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg accgcgagg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccgga agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag 993

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaatctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
aggagagacc tctctcccc tttctgtgt gagaggaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaattgtgc aatgtgtcaa gtagcttggt ttacacgcta caacatagct catttgaac 240
5 ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa ttttaacttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattggtc ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt tccccctcca agtttgtaac actccccctc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctggtct aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt tagactgtta atgcactgtt gaccttcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacagggtg tgggcgagt 840
15 atgctttatt aaggctcttg ttccacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtatttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagttg taaaatggaa aacaggaaaa 1020
tgaaaaatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt 1080
gtatagatca cacaccggt gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagataca 1140
20 gaagtattaa aaaaccccc atgttaattg atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat 1200
ctgtctagct atctgttggg aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga 1260
attcttgtgt atgtatattt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat 1320
atatatagat aatatataaa tttttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa 1380
tccacagacc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca 1440
25 taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc 1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggctctg aatggggcac 1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggaacac 1620
ctaaggtttt gatattgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaga gtaagctaac 1680
cacagggatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta 1740
30 gattcttcca gtttttcaa ggagtaattt ccccgaaatt gcataccacg gcgtggacag 1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatataca 1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtga 1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac 1980
tcatttcgtt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc 2040
35 acttgatttg ctgggttttg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca 2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact 2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt 2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
 gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
 tggatacttg gaactgctaa attatatttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
 10 gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgtag240
 attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
 acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
 ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgtat gtataaaaata420
 aaatattcct tgacgtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
 15 ggaactaaca atttgtagg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
 ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
 gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
 taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
 caacttgtga ttctgatag aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
 20 agaggaatcc cagcgccttt taaaagtgt tatgtggttt tcttttaaaa agctcctgtt840
 tttggaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaaacc900
 atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaaagg960
 aaaaagaaaa aggaggggag aagaga 986

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tggtatatac caggcaaaat 60
 50 ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
 gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
 ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca tttttttgggt tactcttcat240
 gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatatc300
 caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaagcg360
 55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacggtatga tacctaaaaa420

gaaaaaagag ttaatcacct ctctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

30

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgtttc aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcata gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcac gatattttatt taattttgtg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagtc 360
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
tcttgctacc tcagctgaag gatactttct cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
tttgctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaatata ggcttggttt 720
ccttctttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagtg aagtctttcc tggttgggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaagggtat cctcatactt 900
ctcgttggtt tctgagtctt tggctgaaca aaatttggtt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctggt 1020
45 tttcttactg gtcacactga gggctctacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt 1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac 1140
agattctctt ttgctatcac tttgaacaaa acctgaacag ctcttctctac atcctttttt 1200
agttttctta attgggatcc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt 1260
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaatgag tggaaagtaa 1320
50 gttagagagt cctctgctct cctgcactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc 1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcttgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttagt 1440
atgggatgtc agggctgccca tgcctgagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga 1500
aagtacagta aaatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata 1560
attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatattaa 1620
55 aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat 1680
ttctaattaa tttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga 1740

taaatggcac ttttaaatgg ttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt ttaggacta 60
aatagatcta ttattccaa tgcaaatgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120
aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatg gcagagttaa420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaca aacgcaaag caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tgttctttct ttcctgccac aagacagggt540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
15 tgtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccocagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg cttagccaacc acatgggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatccctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatatcttgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```
cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtgc 60
tctgtggcag cggcgccggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcacccctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaggctt gttgattagg ctggggcg 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgccg gactccgctc agtttcgggt120
 gcggcgaaaca ccaaaagtccg ggaaacttaag cattttcgggt ttctaggggt gttacgaagc180
 tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
 30 cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
 aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcacctc tttcgatgtg360
 gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgaattgttc gctgatatct aaattaagaa420
 gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaacttc ttgaataaag aagacaggac480
 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctc ttcatcttac actttgttac540
 35 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcacca ttcttagcta agttcttaaa600
 attaaacctt ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660
 aatataaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
 tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
 taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
 40 ttttgagagg agggggggccc aaggtgttcc tgggggttgc cgaggaggc 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```
gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgccgc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgcgt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120
gcccgggttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggagggaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggtga tttgccccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccg gagcgcccca tgtagaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatgg taaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```
ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt cttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300
```

```

aaactatcta aaatagagca ttttgggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggtcct tctgtctggt 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tggtacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tatttttagat agattaacat 660
taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtacaaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtggtgtat tattaatatg aaaaaaaaaa ttttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca cttcaaatg aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgtccttctt tcctctttta agtgttcagc tgtggcatgc tcagagggttc 1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttctc 1080
ttcttgtatc caccaaaagt gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt 1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat ggtttgggtat cactgtaaat 1200
aaaaagaggg cctgggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggtctc gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagttag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt 120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagaggtcg 180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaagggt gcttaggaag ttgaaaggcc 240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga 300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtggt ggattcggac ggagagcgcg 360
aggactcggc ggctgagcgc gccgcagcgc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc 420
gcattcgcac gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgcaat gaccgtgact 480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg 540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccgcgaca ccacatcggt tccattgagg 600
tgagagggga gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca 660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```
25 gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
   agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
   tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcaccac tctgcctgta acttagaaaa 180
   cagcccctac ccccagaggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
   tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
   acttgtctct tttttgaaac actgtgcaag aaaatatatc cttttttaaa aaacatcagt 360
30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
   ctgcgtagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
   cttacacaga gcccgagtaca gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
   acatcaaate ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagcccc 600
   aaacgaagac acccacactg agtaggggtg atgcccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35 agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttccccctaa 720
   aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
   tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgactgtatg aaggctgtca 840
   cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
   gaccccaactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga1020
   gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc atttgtgggag gaaaatgcc aaggcactgg1080
   ttctgtgtgc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccctccag gagagggtgcc1140
   accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtccacca acaagaacct cccaaagca1200
   agcagccccc attgagggttc caaggctcgt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260
45 aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
   agtaaacata aaccacaaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc1380
   tctttgcagc atctctgate agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtcttagt1440
   gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggct1500
   ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctgggtccg1560
50 gatccttccc ccgcagtgtc atagacggac agacttctac ttccagtcgc tagaaaagag1620
   ctgagtctgg tgtccctcca ggcggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680
   gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat1740
   ctgagtgcaa atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agccccccag1800
   acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtac agcttgact1860
55 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtccat cccacactga1920
   ctctcct
```

1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 672 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
25 gcctttttat tttttttttt tggctggtat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
   cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
   agggctacag cgctgctttt atgctacacg gggtatgctt ggactctgac tcccagcagc180
   aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacccatca tgggaaacac cttccctttt240
   cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggtc taagggtgcca agaagtctca360
   ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420
   cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
   gaaaactggg gttaccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
   tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttctcttt cctttctctt600
35 tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
   ctcagagggt gc 672
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg ggggtgaacaa ctcactctgga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc cccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcgc gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta gggccagaa120
tggctacaac agtcctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtae tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgtc actctcccga tctctgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tctcctggg tgtgttggc atctttggcc360
45 tcaccttcgc cttcatcacc ggaactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttcctct420
ttgggaccc cttttccacc tgcttctcct gcctgctggc tcatgtgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatggt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

25 ctttaatgtg cctagagcaa tggaaatgggg cacttttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
 ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120
 gttctaattcc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180
 tgggtcaaaac tattgagtcc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
 actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
 tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
 tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggt tctggcaggg420
 gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
 30 actgattata accactcggg caccatcgat gcccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
 gcaggtttca cctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggtg tgcgtgcagc600
 aagcttggca tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gacctcttc660
 aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
 35 tggctgtgct gcgtgttggt ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
 c 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
 cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
 aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
 aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
 gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
 gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
 cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120
 atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccgggcccgg gacaagagaa 180
 gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggatccatc tacgagtatg gagccctcac 240
 catcgatggg gaggaataca ttcttttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300
 45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
 agaacttggg ccatttggct tggctattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaaca 420
 ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac caggtggggg 480
 ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
 attctacact ttctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
 50 ccgctcttt tgggaaccca tgaagatcca tgacatccgc tggaaacttg agaagttcct 660
 ggtggggcca gatggcatac cggttatgcy ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
 caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
 actgatgcc ccaacctacc cctacccct gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840
 ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctacccccc cccagattct ctttcttatt 900
 55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtggtg tgcattggtg cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatggtc1020
catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
ttggggccag catctccac atgccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttcct1200
5 gaaggacct cctgagcccc caagcccatc ccacagtgt cctgagacca gccaagacaa1260
ctgtgagcgc gatggccgtg taccacaggt caggggtgtg gtctctatga aggaggggccc1320
cgaagccctt gtggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgcat1380
caggcttagg ctcccaggca gggacactac ccccgccct ctggaggaca tgctatcctc1440
tactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgccc gtaaagggtc ttctgcagca1500
10 aaaaaaaaa agaaaaaaaa aaaaaaaaa 1528

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

35

```

ggcaggtctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cctcccagaa gcccggtgtg gggcggggac acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180
aagtccaggg ccggtcggag gcaggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgctg300
gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaa ggcaagaaga aggagggtcc cactgaagg gccctggaca420
gggtcatta aaacttctc tctgcctacg agtaccaccc acctggagct aagatgctta480
ggggggggg ggccgccga 499

```

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

20

25

30

35

40

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcgggaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga gggtcgggtg ggcacgcggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgcctggg 120
aaagcgcgag tctgagtgga accctggagc acttgacagag cggctggcgc agtcatggcg 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtg gatagcagac 240
aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaa 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctga catcaaata acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggt agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aagggtttaa tgaagatggt tttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
gccttctagt aagggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaa atgatggag gaagtgacct 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtggtatgt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacag aggtgatgat ccaatagttt gcaggagag1320
cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
ttgtcccggtg ttttgt 1396
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

50

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg240
   ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aagggaagtca300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac360
   caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaacaaa gtcgatgacc420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca attttttaaa600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt660
   tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttagt ttgatttctt taagtttcaa720
   taaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc780
   aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga                               808

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caataacctcc tttatttgat cctgttttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tatttttaaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gtttaacccc 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttctctccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgtgcgcacc ttcccatgtt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggtg gtctataaat ggaattggct 360

```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtggt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggctcttctt 600
5 tgggtataat ttgaaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagagggg ggaaaaggct gtatctctgc tgctctgggt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttggtg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggctctcgcg ggctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaa1020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgctt ctttctgaga1080
caatgcattg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtgcgcg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaattgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attattttaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaact ggaagatatt gcaaattgcag cgttagcagc 420
tagtgcagta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagcct gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtcct tttacaggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccattttaa acagggttaatt tggaagaatc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtg tagaccaaa agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctga1140
caataaccgct aagctaacat cagctggttag ttctttgccca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggtgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcctta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtccttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaal620
10 cctgggtttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaal740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtgggtggg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaal860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtga aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
20 tacacggata atatcgc 2177

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

45

```

ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggttaatcg ccttggectt ggctgccctc cttgttgtgg acagggaagt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tgttcccaga tgtccaaact ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccggat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SÖNSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catcccatTT ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggcTTTct gggTTTTaca atggTTgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taaaaaaaaa ggtaatggTg atggataaaa taagcagatc aagggaagtG tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcttgaa gggTgtaaaG ctggTTtgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaaTTtaga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctTTTTt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagttggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcaG aaacactctc taaagtGcaa aactgatggT ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaG ataaattaca gtcagtGcta 660
gttaattttag gaaaagggaG aaataaaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtTTTTt ttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatac ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttgTTgg cttcctcttc1020
40 atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgctgatgt tgtggtccta tccgttccag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc accttgaga ttttctctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc
1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

20

25

30

35

40

45

50

55

```
atttaattctt cattctttcta ctatccccc aa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcttcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatTTTTT cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactTTTTT tctatcctgt 240
ttacatctgt agccctTTTT gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctacagccaa aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggt acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacgagac acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccaccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactgggtccg attccacccc ctacagacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
ctatttgtgc tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
tctgtaccca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaacat cacaaaaatc ataccattcal1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
tctactcaaa agaactaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattct cattaacgaa aatgaccag1320
acctcataaa ccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgaggga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tcttcacaat accatgattt ttaaaaacal1440
cagccctaatt ttttccagta ttaggattcc taatcgact agaactaaac aacctaacca1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctgggggttt1560
tccatcttat tattcaccgc attacacca taaaatctct caacctaaag ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctgggttag aaaaaacat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg ctttaattaa ttgtacttta1740
tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatac ccgcaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacaacta tatattgccc ctaccccaat cctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatal atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactcaa cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc ccaataacta aaaaacccaa2040
aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaaccatcc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac cctaaaacca ttaaacacc aacaaaccca ctaacaatta aacctaaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa cccaagacaa ccaacaaaaa ataatgaact2280
taaaaacaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttta aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaatt agtccaaatc attacaggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgtcgaga cgtaaattac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```

tatttttttat ttgcttatct cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccattttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga ccagacaac tacataccag ctaatccact aaacaccca ccccatatta3180
10 aacccgaatg atatttctta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttcttcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccattttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat ctttaattctt ataccaatct3480
15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaac acgatcggtt3540
gacatatagg gc 3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaaegttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgccctggcag agcattttct atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcagggtta ttcaaagt ggagtcctct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt ctccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggtgg360
cgtgaagtc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcactgtgat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatccag ttggtcaaa actgagttta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtagggtta600
a 601

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

25  agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaa ccacaaagct acaacactga 60
    ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
    tgatcttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
    cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagaccgc gctaattttt tagttttagt 240
    agagacgggg tttcaccaag ttggccaggc tggctttaa tgacctctt atttttaact 300
    tggatacctg ctattctgac aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
30  cccactccc acaaactctg aagccagtgt ctagcttact aaaaaagag ttgtatataa 420
    tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
    tctttttttt ttttaatccc cttctaata gaataaactag gggaaatttc ggggacagag 540
    atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
    tggttggggc atttttaaga tggctggcta ctctgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
35  tcataactca gtaacatgaa cttgccccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
    aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
    tgagctttct gttgcaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
    acttgactat atatgttgca tcctgtgcct cccttcatat taatatttga taaagatttt 900
    aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
40  aggataggca agaccctgta tgaatagtac caaagcatta ccgcatggtg gagaacacac 1020
    tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaal 1080
    aacaaagggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
    aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
    gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaagg ttttatctgt gtagaatggg 1260
45  tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
    acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
    gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
    atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
    tcaggaaaag cattgccagt tcagtctttt caaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt 1560
50  gtaataacaa gactcagtcg ttatttttta aactgcattt taaaaatttg atagtataat 1620
    aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
    acattttata tttcttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
    actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagctcttga ggtgaattac aaaagtcag 1800
    ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
55  tgggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtattttatt tatttattac 1920
    tagacctcaa ccacagtcct ctttttcccc ttccacctct ctttgcctgt aggatgtact 1980
    gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt 2040

```


ttatactggtt ggatacttat aatcaaaact ttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 623 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
gtcccgccct gccagtgcgc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
cgcgagcgac agaaactaga gaccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcacccgg360
35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtctca tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggtcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgatgaa ggccatgcaa 240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg 300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg 420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggtggcca cactccgag ctaggggctg cctacccgc tgggtgtgca cacactctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt 660
tggaagaagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgcccag gttttgggat cgcaaaggga 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa 781
a

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

50

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgetctttga ggccgacgct aggggcccgg 60
aagggaact gcgagggcga ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggttagc 120
ctggtgcacc accaccatgt tggttgcaag gctgggtgtg ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

tcaatggctg ttaacaccta gcaggaata tgccacaaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttgagc 420
attgtgctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag cagggagtat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattgggtg gacctttgca gccatgggtg gagctggaat 660
gctggtacga tcaataccat atgaccagag ccagggccca aagcatcttg cttgggttgc 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtcctcttct 780
10 catcagagct gcattgtaca cagctggcat tgtgggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgcccagt gaaaagtttc tgaacatggg tgacccctg ggagtgggac tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtgggtg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccttc tgtatgatac1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgc tcagcttctg gcttctctgc1200
tacatcaaat atcttggtta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcgttgaagt ttagaagata agaaacatgt catcatatct aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgtat tttaaaatgt tttgggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttcactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaaatat ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg1680
25 gagcccggtg ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:
- 50 cacccccagc cctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggc agtctccacg 60
tgggtaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgc cggaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
gcctcggagc tgaagcccgt actcaagatg gcggctccgg gcgggctgtg ccagtacta240
55 gaagggcagg cgccgcggga ccatggcggc ggccggcgag gagcggagtc cagaggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caagggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
tggtatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540
aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
5 gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
ctcctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
gttcaaacccg ggggttggtg aaccggggga acccattgcg ccttggaat t 831

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

tgaagttcta agagctttcc aagtttggga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
35 tgagcatgaa cggaagtac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
atataggacg gagtaatctg ttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
ctaggtgaca agaaaacaa gatcttattc aaaagaggct ttacagcaac ccaacgtctc240
atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggtaaagt acaggcaaca ccacttccgc300
gtttctcttg cgccctgggc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
40 atcccgggtgc tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
aaggaggaa atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatc540
catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcctatcac atatcctact600
actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
gggagagcat caggaagagt agct 744

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgtc ggcgcgccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctctgcagc gggcgggccc ctgcagcctc ctgccaggcc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccgga 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatca cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtaact ttgtggggac 360
ttggaacacg tggatatggc agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaa ttttgaatt 480
tcgtaaggca agaagtga tgcctctctc caggaagaat cagctcctgt tggagtccag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagcgg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gattttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg tttaaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg 1080
ccttgctgctc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataaac acttagccac 1140
ttctcccccac cctccagaag ggggccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt 1260
40 ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
gtttctcaag cagtttttct gagttagttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtatttgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
45 atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta 1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtctgtgtg aaatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
50 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttcacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa
2017
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20

```

cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtgcgc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
25 agtaccacgc tgggtctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatggttgcg aatttggtcc cgtataaaagg360
atatactctg aactatggtg ccattccctca gacttgggaa gacccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttggtgtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
30 aggggaaacc gactggaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatata aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataaggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctt ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatata tattaagaag actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
35 gcccctcaaa gtgtgc                                     856

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag gcgcaattgt gccctgggtc gccaatgt 60
cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gactctgcc tgagaccctc gaccagccg 120
10 aatacaacat atctccggaa acccggggg cgcaagcgag cggttggcca taagagccca 180
gctgaaacga gactacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa 240
tcctgccttg cttcgttggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc 300
cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta 360
ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga 420
15 tcgaacattt cactctcat attaatctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa 480
ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaagtcg 540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggg ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
45 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataataaaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
gtaagagggt gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaaggagg 420
aagatggact gcggtatgag aagacagtgc agagcaacag cccatttca gcattagccc 480
50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggc tctggtggtt ttgttcttta 540
tcgttgggtg aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
tggtattggt gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacaggtct tgcctttaa ttacccctcc ctgcacacac 720
atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaaaatgtat 780

```

agtaactgat tgaggggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagcccgag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggcccac1020
5 tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtga gtcactgt1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaattg atttcatttc atgttttctt1320
10 attgtcacia gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctctgc tctggagagt ctggatcatg ggaggtggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaca1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctacacttc1620
15 cagcgcccgag gtccaagtct gagcctgacc tcccctggg gacctagcct ggagtcagg1680
caaatggatc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800
attaattttt tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912
20

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tatttttttt tatgttaaat 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctgagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaagt aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttggtat ttcttgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaataac 300
atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact cttattaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
tttatttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaaa aatctttttc tggtaagag aaaaaaaaaa 600
aaaagaaaca gcactctgca tgcttcactc tacaagatga atttccctag aaagaatcca 660

```



```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactgggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gagccttaaa 780
ccttcatctc tcagggtgccg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttggttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
5 ggcataaggc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcaatttgga atccattaat1020
tcacaggtt ttgcctcttt ccacacagct tccatatctg aagtgttttg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggctgt1140
agcattactg aaacagtcac agttgacctt ggttcaataa ttccactgtt gggcctcacal200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttctc ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gattttagtg gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcccatggc ccttgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg gggcggttg ctgctgggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttggtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttggt ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttctaa1740
atatggggat atttacctt attaagaaa tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20 tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatattg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggtctgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
50 tggacgtgga atgggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtacgggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaac 240
aatatcttat aattacagtg acttgatca atcaaagtgt actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggaa gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggagaaa 480

```

```

gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cgggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
ccttggecgc ccaggacgtg gcgcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
cccaaaccgt ggacgcagga ccgacaagtc aagtgtctct gctcctgatg tggatgaccc 720
5 agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggg tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaaagcttt tgcatgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
10 gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
cagtttaaag ctttcacttc atttgtgttt ttaattaag gatttagaag tcccccaat 1140
tacaactggg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
atggtcaact gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta 1260
actatatgta ttttaactta gttttaatat ttcatatttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
15 ttctcatgat agctgttata tataatgctt aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
ttgggtcca aattataa
1458

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
45 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc ccttgaacc 300
ccaaccctcc ccaaccctcc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360
cacctgggag tggaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatggtg 420
50 gtatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggg ggagctggtg 540
atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttctgt 600
caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
55 atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

```

gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggaagaatg ggaatgggga 900
acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggtggg 960
gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt1020
actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt1080
5 cttacagatt taatttcttt tgtattttta gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttggtg tgatgtattt1320
tactattagt tctacaagaa gtagtgtggt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
10 cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct1500
tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaatg tcatttatca1560
ggcatagctc tgaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc1680
15 ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaa aattgatagt tgcagggtat1740
cgcaagatgt cttagagtag ggtaaggtt ctcagtgaac caagaattca gtattaagta1800
cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgccaata1860
gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagtttttag1980
20 tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag. gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
tatggctttt ttccaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
tattgaactt gttacttggt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2188

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

50 ctgcctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgccgcc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcaccg caaccatgag cagcgaggcc gagaccagc agccgccgcg 180
ggcccccccc gccggccccc cctcagcgc cgcgcacacc aagcccgga ctacgggcag 240
cggcgcaggg agcgggtggc cgggcgcgct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
55 gaaggtcatc gcaacgaagg ttttggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

gaagaataaac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
tgtgtgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
5 gggatcggag agtgctcccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgtga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctcctcgcca 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtccgtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctctal140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatgal200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgtttttt gcccgttgac cagataaatal260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctcl320
tttttggtaa taacaaacgt gtttttttaa aaagcctggt ttttctcaat acgcctttaal380
aggttttttaa attgtttcat atctgggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaatl440
ttgtaataaa agttttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaaggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45 ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctcagcctcg ccgctgctgc cgcccgccgc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcatgga 240
taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggaagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggaagccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaaggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttgga 540
aaagttcttg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggttg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
 tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
 agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
 5 ggaggggaaa attaaccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020
 agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
 ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtgggc1200
 ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254
 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

35

cctcttctttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgtga gagcagggtc 60
 actttatttg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatgggtg120
 tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttgggttaga ctccaggcct gttcttctgg180
 gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacaggggcca240
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgcct ccctcgagga agcccacaca gaacatgttg300
 ttgtaaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
 aggcactgca gctcgtcttg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420
 atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
 gaattgatga cggcagggtg ggagagcttg atcagcagga tgctattgtc cagagtccgg540
 45 ctgttgattt tgggggtggc gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attccccctcc600
 aggacttoga tgttggtctc tcccagtcct acctggatgc gggacttgta gcagtgcct660
 gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
 aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agcccccaac gatcttgtca780
 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
 50 atggtggtag agtgtgctg attgctggtg gagaaccgt ctttatacct cccgaggatg900
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctcttc ccagcacaaa caca 954

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```

ggcggaccgc cggggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cggctcctgt ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttgggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag taggggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gagcgcagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtctg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggaact gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgttcatg ttccagcgag tgctgggtgc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccgga 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaag gatattcacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcattag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
40 tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tgatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcataagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttggtct ctgtggagga gatgattaa1260
ataaaaaatc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcatt tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500
aaatattgat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca tggaaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tgagtggtct agtagtttct tcatttgaaa1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccca tccagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccctac1800
taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtatgc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa catcccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaat aagcttcaaa ctaggatttc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgactg tgcctttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttggg ttttaattaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```

cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatgggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
tcttcaccta gcgcagtgcaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagttagta aaaatcctgc tggtgatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgttccac accattgaaa cctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaaggattg ccccgagtga tggaaagtat gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggac tctcaagcct cagagtatga 480
tgaccctcca ggctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540
ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagcttct tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttcttct gtctgtgtac 660
tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgtctg 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgtca tcacaacctg gatgccttgg ttcgactcat 780
tgactgtctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
gaacaaggta cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
tgaatttcag caacttccct accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttgaaa ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt 1020
ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc 1080
ccatcgata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat 1140
gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga 1200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtctg tggttctttt 1260
gcatgatttc ccagagtcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc 1320
taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc 1380
cgaccattc actcctaata taaagggtga catgttgagt gaaattaaca ttgtccccg 1440
gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccct 1500
tcttaaaact cgatcaccag tcaacttctt gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc 1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactgggtgct ctatgtcggg 1620
actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact 1680
cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttggacac tgagggtcgc 1740
tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac 1800

```

```

    ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
    atcacaagag ttctcttggg acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctcttctt1920
    attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
    cactgtgccc cagaaatcga aaagtatttc cagtcggtcg cacagtgtg catgggacag2040
5   aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
    tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
    tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccc actactgttg2220
    ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
    tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
10  ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
    aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagtct2460
    catgtcttct gacattctct gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
    taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagtatt taaaaatgtg2580
    gatgtgctag aattggatat gtccaggaaac atgggaaggg ctcactattg gaatcccatg2640
15  agtttccatt ttgtctctac ccaaactgat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
    tttcttttgg ggattataca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
    ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctct2820
    gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggaac ccaaaccgcg attaatg 2878

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

45  atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaattctta aaaagtaatg ggatcttttg 60
    acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaattttta ccatattctt ttctagttaa120
    agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
    cgagagccct gtcattctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
    ttgggaaaaa gaggtacgtt agtgttcgcg attttaaagg caaagtgcta attgatatta300
50  gagaatattg gatggatcct gaagtgaaa tgaaccagg aagaaaagggt atttctttta360
    atccagaaca atggaagccag ctgaagggaac agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
    aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
    tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
    aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaaat tgaagtgaagc600
55  taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
    aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c

```

701

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25

gtttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120
gaaccggtca tcaatcatgt ctgggcagtc tccaaccaa caggtttggt tggttcagga180
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaa300
atggaaatca aattagggtc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360
ggacaaggga gcaactgggt ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcagggcct ttccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaaag cttttgttat ctttgttatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
35 tggagtacga gccggtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aaggtcggag aaccaagttc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
ttgatgaagg ttcccgccctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
gcatttcctg atttcctctg tggtaataaa agctttc 817

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```
gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttectaata 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatc caagggttga tggagtactg ctggtgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatatt atcagttctg ttacgttacc cataaggggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttccagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tggtagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaa aaaaagaaga actgttaaa ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatgga agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggtctt actgaagtaa 780
25 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttagtgat gctacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaa gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata 1020
cagaaataga aatatccaa cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttatgaggga 1080
30 acaaaagaa cgtgattact catttcaaa aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg 1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt 1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag 1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctgagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag 1320
35 acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg 1380
cagaaactta actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg 1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata 1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat 1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg 1620
40 cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt 1680
ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgacaaaag 1740
aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaac actcttgca gatgagaaag 1800
caaaatgcaa taaatgtgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag 1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaactgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac 1920
ttaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaatgga agatggagca gatggtgctt 1980
45 tttaccacga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtcct ctcttgggga ctggaagaca 2040
atgttgctg agccagcct gctcgaact ttatgtggcc tgatggctta gaggactctg 2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac 2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc 2220
tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa 2280
50 gtcactggaa ggtgtgccc atgtgcagcg agcagttccc tctgactat gaccagcagg 2340
tggttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac 2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaac aaaaaaaacc acacctaaaa 2460
tagaccactg aggcagccat agagcggatg ctttcagca cctttactg cactttctga 2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggc cagtctttgg cttatcaata 2580
55 aattttaatc tctgttaatc ttacaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat 2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgccctctcc gccgcgcggg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttctttttta tcccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaa240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggtgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgaccta ttcaccctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtgggtc ccttcgagta gagaggcccc cccgccacc600
gtgggcagtg ccaccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaacccaa accatgagaa660
35 tttgcaacag gggagggaaa aaggaccaa acttccaaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtacttttaa aaggaaattt gttgtatgt tctatttaca tttgatagt ttgtacatat780
tgtaggggt caaccattt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggg gggttgttga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt                                     922

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

```

10  ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
    gtgccccgag ctctccgcct ccccccgccc gccagccgag gcagctcgag cccagtccgc120
    ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
    tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15  gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct300
    gaggtgggtg tcctggttgg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
    gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgctg aggatgggga atttagcatg420
    gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggc cccaccttca atgtcactgt caccaagact480
    gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540
20  aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
    ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
    ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
    ccagggtcgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tggttggaaa780
    acttttgttt tttggggttt ttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaaa840
25  aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg                                     870

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

    ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
    tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtgggtg gtcttgggtc 120
    gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtgccctt gaagaaattt aagtctatcc 180

```

```

gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacctc cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgagggcac cacagctatg cagggcatgg tgaggaggcg cgccctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtt ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcaccacg gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttccctcatc gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctggtgaact 1020
15 gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcacat caatggtgtg gaggctccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctcatgaaca acggctactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttcctcaggt 1200
cctactatct cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgctgcct cgacacgtgg gctccctctt tcctcttgac cctgcaccct cctagggcat 1320
20 tgtatctgtc ttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcctcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacact 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaaca gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600

```

```

attttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttctactcc agttgtcccc acagtagaca 660
catatgatgg ccgaggtgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
5 ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020
gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggaagaag1080
ataaacacct gaaatttcgt atttctcatg aattagatag tgcattctct gaggtcaatt1140
10 aaaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata1200
gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta1260
tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcattggaa1320
ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa1380
actatcactg tattttaata ttgtttatcc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaa1440
15 acaaaatact ttaccacct taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataattcttt1500
gttttttaag ttagtgtata tttgttgtg attatctttt tgtggtgtga ataaatcttt1560
tatcttgaat gtaataagaa tttggtggtg tcaattgctt atttgttttc ccacggtt1620
ccagcaatta ataaaacata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaaaaaga gaaaagaaa1680
aaaaaagaa aaaaaaaggg gagggagggg ag
1712

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1273Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

45 accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcggga ggggtggcag cggcaaggca 60
gcccagtttc gcgaaggctg tggcgcgccc gcggcccgca ggcacccggc acgcgccttc 120
cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
ccgcccgaagg gccgccaaag aagagcccaa gaggagatcg gcgcggttgt cagctaaacc 240
tcttgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
50 aaagtgcaaa caaaaggga aaggggagca aagggaaaac aggccgaagt ggctaacca 360
gaaactaaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gagtccagcc 420
tctgatgaag caggagagaa agaagccaa tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
cagtgtccc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaat atttttatca actattttgt 540
aaatgcaagt tttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggaggaat cccacctcat 600
55 cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttggttat 660
tttttggtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

```

```

gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaaagc 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttggtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
ggctctctct gccagaattg tgtgactctt gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttctt 960
5 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt 1020
tgagttgtga actgggtggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg 1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt 1140
taaaaaagaa ttacaatata tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt 1200
acaaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa 1260
10 aaaaaaaaaa aaa 1273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca ccggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggttg ggaactgcac tagcccgcg ctcggcatgg 120
ctctcctggg gctcgggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgac gaattaaact catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt tgggcttgta gaattctatg ctccatggtg tggctactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgctcct tgggtgggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaaag gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttctt acaatcaaga 840
tatttcagaa agcgaggtct cctgtggatt atgacgggtg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg ttttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggagacca gctctgtgtt gtggctgtgc 1020
tgcccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga 1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc 1140
agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgccal 1200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagtgag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgagg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gaggttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaagggac attctctaca ctcagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattggt gtagccggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgg1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaattggct1800
ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgttttagcag taaatcaata ttttgaagt atacacagat1920
gtctttcttc ccacacaact tttttaaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tctgcccacaa tatttgtctt tgggctgtct ctagtgacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatcacagca gcagggttacc aatgcgaaca ggtagtctgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

```

45 gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagctt aagttctcta agtactctga aatgagtgag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaaagag aaagagtttag aaagagaacg agaaaagagac aagaaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgat actccgacaa ggaaggaaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagtga 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcattctcaca aagattctcc tagagatggt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cggcttagat ctcttaaaaa 660

```



```

atcaggaaaag aagtcagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacgggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaaag agcattcctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcatttgt ttatatgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
ttttgtttta ggatgttgtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttcta1080
gctttgacaa ttgaattag atttcaataa aaatctgaac agaaaactat aatgtgtttt1140
ttttgcccc aagggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg1200
10 tgcctcttat acctgatgca ctttataagc cccagtgttc aagtagctta agttttatat1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttggtgg tttgctaacc1320
atttgccttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggta1380
gatattggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctgggctaaa acattttttt cacagaagca1440
atatgatttc catatccca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaaatt1500
15 aaatatcttt tcatttcttc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
aacaagggtt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
ttggtccccc cccccactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaattca aggtgcaaaa1800
20 agttgattta aaccatttgc agagtgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
gaggaaagaaa taaaacttgt gtaattgttg tcataatact gctataaata taataaaggg1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gcccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaaa ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaataaaaag ctgcaatagc aattttatc aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaattttaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55 acaaaaagtt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgttaataat 540

```

```

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataaggatt 600
tcgttgcaac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccagggtgc ataatttccc atcagtcctgt ccttgtagta ggaggggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcgga atactcaa atactcaaac atctttttaa aactttgatt 840
tatagtcctt agaaagttat gttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
ctcaaattga atgattttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt1020
agctgaaggc tatcagtcatt aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac1080
10 acttaaaacg aatctcaaga gggtagccat tgttgtttca gataccatcc ctaaggagag1140
tgggttaacag gaagattgac agtggtactg atggaaagaa gtgtttgttt gttttttttt1200
cttgtcaaac acttacacca tagtttttaa ttaactgtc aggcattttc tcagacaggt1260
tttcttttcc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaaat catgactttt gactgccact1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc1380
15 tgagtccttg ggggtgctgt ttctccatca gaacacaaac acaaccatc taatcagttt1440
ccctcaaaga tgaaattgac aaattttaatg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaagg gttctgtgtc ccctacacat1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat1620
ataatatgga accttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtacggttc ttctgtgtc1680
20 agctcaatag ctctgtcctt tttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttttagc1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttcc1860
tgatcttgat cgccccctga tgcattctca tctcttccct ctccatcatc ttctttttcc1920
ttctctttct ccttctcttt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata1980
25 tttggagggt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat2040
ttgtccagct ttctgcttaa ctccctgagg tgggtgggga ggcatagtct actcatctat2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgactc ctggaggcgg cttggtcctt caataatggg2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctggtgctgg tctctcttag gaacctctgg2220
attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctctcctt tctcctttt2280
30 tctaaggctt tctggtacaa cgggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagctgtt2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaagaaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca2400
catcatcaat ttcttggtgg cgggtgccaga tccaaagtag taacaatatc tgaataatca2460
ctaagttggg ctctaattgt ctgtctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc2520
ctcttctctt tggcttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct2580
35 tcttctcat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcattg ttggcattgg ttcaacggga2640
tccactgaat caggactatc aggccacccc attgatacat tatcatcctc atccatctcg2700
tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca2760
aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttct2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc2880
40 agattgctgg tgctctgttc agactcta atagggttag aagtagtagt gcttactaac2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatctatc cagcatcatc cattccaaa3000
tcacaaaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttata3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgctgggcca catcgatgtc atctaagtca3120
ggcagtggtc gatcaaaagc atgaaattct tcaggtaaaag taatggcatt ataagctgct3180
45 tcccgaattt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccgaa aagccatctt tatcttaatg3240
aatgttctat tacagtcctg aagaaggat ttggttttcc tgtgatagat tcgaactact3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cttttggtga gatgatactc3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca3420
atgggccgct agccaaattc ttgccagagg cctcttttta ctgagaacaa aatgtgcgta3480
50 gaacattggt ctggctggtt atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg3540
gcggtggtgg tggccggggg aggggaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggga3600
gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgcccc cccagccggc gcctccttcc3660
cgattcactc aaacaacaa gatggctgcc gtttaaccgc ggctcttc 3708

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
20  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
    tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
    aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtccctcag cagggggatc attcacagtg 360
25  aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaagga agacaaaaga gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
    gaagacaaac ctgaaattga agatgttggg tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggg 660
30  gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaagccca tctggaccag aaatcccagc gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    ggacagttgg aattcagagc ccttctattt gtcccacgac gtgctccttt tgcctgtttt 900
    gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35  aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggg agactcggag1020
    gatctccctc taaacatatc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tgggtcaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
    aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaa acacgaagac1200
    tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtact acacatctgc ctctggtgat1260
40  gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    ctgaaggaat ttgaggggaa gactttagtg tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
    gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
45  aaaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaagaaa1740
    cacctggaga taaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
    gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactctgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
50  tcttctggct tcagttctga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
    aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta1980
    actgaagaaa tgccaccct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
    taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
    ttttcaagga tgtttttctt tatttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
55  tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttgggt tattttcaca gattggggta2280
    acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtgtgtctaa agtgttttagc2340
    tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
```

5 tgatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
 ctgtagttag caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
 gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
 agttaaaagc ctacctaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtctt2640
 gtggatggaa atgtagtgct cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
 gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
 gttagtcca aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tgggttaaca ctgctgctc2820
 caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctgagcagg gtgggggtgga gcacatgtag2880
 gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atccccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
 10 tcttagtgct cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
 acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

40 cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgga 60
 gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
 aatgatacag gacacacaat gggatgatcca ttcattgttg agcagcttac aaatccagca 180
 ccaggaaattc tgggacctcc acctccctca tttcatcttg ggggaccagc agttggacca 240
 agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctgacacat gcagaaaaggc 300
 agagtggaaa ctgacagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
 taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
 aaaattaatg aggcatttat tgaaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
 45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
 aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
 gagcttgagc gtgtgatata tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
 gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
 agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
 50 ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
 aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
 cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
 gatgggtccc agaagactga gagttcaacc gaagtaagaa acaagaagag aagtcgggtg1020
 aagatggtga gaaagacaca aagatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
 55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca1140
 gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa1200

```

5  aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
   agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal1320
   atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac cagggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
   atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
   actatgtgat acctaataca gggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
   aagaagtgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
   ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
   atttaatatg ttcaaagaaa ataattgggtc ttgtttttta atgttaacct tttttaaat1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
   tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatgggta agttaatga1860
   tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttctta1920
   agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatga1980
   atttagtagt tccaagtgtc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
   agactttcat ttggagtgtg aaccctgttt ggttgcatct catttttgga gaacttaatt2160
   aacgtgagat tggcaattga aatgcaggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgtgtgtt2220
   aggtaataag aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
   tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagt aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
   tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
   ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgccat aatcctagat2520
   gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
   aatttgtgtt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtga taccaataaa aagaaaaccc taggccatgt taattggtta tacatgtttg2700
   gaatgttaac caaaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
   ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
55 agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcaggtt 120
cccgcccgga agaagcgacc aaagcgctg aggaccggca acatggtgcg gtcgggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtccctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccctttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcatattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaga tggaagtggg gacagaggag atggccccct tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaana tgggtgatgat atcttttagaa ggtgaagatg ggttggatga aattttattca 840
ttcagtgaag gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagtgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaa1020
15 gaagatatac aaaaagaaac agttttattgc ttaaatgatg atgatgaaac tgaagtttta1080
aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgaat tagttccttt ctctaaagtgl1140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag gggaaagtgt tctctgtttt gggattttgt1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttctctcc tgattcatgc tttggatgac1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaacc tcaagtcggc1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagggttttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccattgagctt ggcaaaagaa1560
gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg ttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
25 tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagctttac atccccggga gcctctaccc1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcctc tctctaaaat aaagaccctt ttctctctga ttgaagccaa gaaaaaggat1800
caagtgactg ctcaggaaat ttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaaa1860
ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc1920
30 acctctgttg gaagtgtgaa tcctgtctgaa aacttccgtg ttctagtga acagaagaag1980
gccagctttg aggaagcagc taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gagccttccg ggaagaagcc2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttccctga aagcccttca agagaaaagt2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgatc2220
35 accaaagagg aagcctcttg aagtctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggttg tgatgtggac2340
gattttattg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg tggaatgaat2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatc aagtttataa agagtcatc2580
ttattttctg gttggtgtat tattttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgcttttg agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgagttt2760
cttaaccctt tccagagtcc tcttttgcc gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt2820
45 gagcaagcag tagcatttgc ttctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttcttt aagtgggggt ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtggtggtct catgaagaaa agacctttg gccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtagttagaa3120
50 ttatatcact tcaactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggatggtgtc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttcttg3300
tcctcattct tgccttgagt tccagttcct tttggtgta cagacttctt ggtacccagt3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagctg tctaataac acagttttgt acatgtaaca3420
55 ttaaaggcat aatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```
20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcc 60
gtacaggagc tctgtccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180
cagagctgaa ggcgagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acagggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag caggttcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgag gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgtc tggctgacct480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gagggcgac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
gaaaaaaa 668
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5  ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
   ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
   tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaal 180
   tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtgcgcttt acggacactg aacggttgat 240
   cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
   ctttatgggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac 420
   caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc 480
   agaagcctac cttgggaaga ctgttacaa tgcttgggtt cacagtgcga gcttacttta 540
   atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggtc tgcaatgtac 600
15 tttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcttgtaa tttctttacg ggtttgggca 660
   aaaaaaggtt t

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

   agtggaggag ggagagacgc tggcccgga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
   ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctggtt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
   agtcgccaca cctttgcccc tgctgcgatg accctgtgcg cacttctgct tcggacgtcc 180
45 ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgttaga cttctttggg aatggggccac 240
   cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgccgggggc cctgaagaag tccaatgcac 300
   cgcttgtcaa tgtgacctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
   tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtg 420
   cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcaggtg ggagttcaag tgccagcatg 480
50 gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
   agctagcctt cctgaccatt gtctgcattg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
   cactatgcct gcagctctac gccccagggc tgtcgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
   tgggggacgg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgccca gcggacagat gctctccagc 720
   caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttggaa gatcagaccc 780
55 agtcctttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccgatgtc tgcccttctc 840

```


caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
 tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccggcacct 960
 gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
 cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gttaataag1080
 5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgtgcc acgccgacgc agaccctct 60
 ctgcacgcca gcccgccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
 cgccctggtg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt ggaatagct180
 ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgta tggtaaaac240
 35 ctaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttctgtac cctgggagag300
 aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa cttacagat360
 ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
 aaagatggga aattagtgtt ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
 gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac ttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
 40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttcttc tttttttttt cattactgtg600
 ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
 taggatcatc cttttgtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```

15  ctctcgcgag gattggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcgggtgt 60
    cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120
    cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
    gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctct240
    atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300
20  ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
    aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggag420
    cactgggggg gttgggggtg gcttgggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480
    tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540
    gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600
25  tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
    tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
    taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
    aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggctcag cgctcggaggc ggtagtgacg gtggcgtttc cttgaggaag agtgaggggtt 60
ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
5 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatgggta300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacatte tagggcagag aacccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
10 atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
gaaagagaaa aattgcgg 498

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggtctcgagc tggatcaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacaggtttg cttgggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttcttagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
40 tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattt agaatgggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatata 480
45 aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
tattttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttgaaaaa agcctgtgaa 720
aggtgtcttc ttgacttaa tgtctttaaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50 agaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cttctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
tttctaataa agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077
55

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25

cgcagggtg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtgcacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
30 aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
gacggtatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaagaaca tcttttagtc 360
tcgattcctc tcttgattaa tcattctcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420
gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540
35 cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctacagctac acagaagcta 660
ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatggt tgaagcaata 720
tgtttatcca taagaataac ttgcaaaagct aaccctgctg ctgttgtaaa ttttgaggag 780
gctttgtttt tgggtgtttac tgaaatctta caaaatgatg tgcaagaatt tattocatac 840
40 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttctcat 900
atggccttat ttcctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcgggt caaacacaat agcaagtgtc 1020
gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagcal 1080
aatgaccacc aagggtttta tcttctaacc agtataatag agcacatgcc tcctgaatcall 1140
45 gttgaccaat ataggaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg 1320
gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
gcggttgga taaccaaat actaacagaa tgtcccccac tgatggacac tgagtatacc 1440
50 aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtagggtca aatggtgaat 1620
aaccacaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
gttccatcaa tggcaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740
55 tagtagtagt tctggg 1755

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```

25  gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
    cggaccctgt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccgccgc 120
    acgcctcccg cgagtcccgg gcccctcccg cgccctctt ctcggcgcg cgcagatgg 180
    gcgccccgc aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
    gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30  aataatcgtc aatgccagt tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaa 360
    ctggctgcca aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
    gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgatgag 480
    agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac ggcacctcca tgtgctggtg tgtgaacact 540
    gctggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35  tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
    ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
    acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
    aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
    ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
40  ctggatcctg gtcaaaactt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
    cagggtctaa aagctgggtg tattgctggtt attgtggttg tggatgtagc agttgtgtct 1020
    ggaattgttg tgctggttat ttccagaaa gagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
    ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
    atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
45  catctttgaa ggtcatgagt ttgtagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
    tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320
    tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttgga ctccatcggt aaaattat 1380
    atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440
    tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagtcttg tacatacata cttttttatg 1500
50  agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

```

gcgcgggtatt atcgggtaga catctcgac cgcgctctcg aaaccggtag cgcttgacgc 60
atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatct 120
gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180
gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggg 240
aatggcacia ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300
cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggct 360
atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
aagaagtgtg tgaatgatc aggggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaaaactatg 480
aagagtttgt acaaattgat acagcaaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540
ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600
cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660
cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720
gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780
gagttgggtc aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttagga 840
actgtcagca tggtgtgtgt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900
aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960
cactatcttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020
ttttaaaactt ggtttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaatccat 1080
40 tccaagttgt atatttggtt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 791 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

gcccgcgcgc cggaccgcgc gagagggcgc gccgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
15 tttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcggaatg gggggggagg caccgcagct180
ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agactcccc cgagaggtct tttccgagt gccagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgctg cccttttcta cttgccagc aaactggtgc tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctcctactt540
tgggacgccc acgtggcaga ccgtgacct ctttggtggc ggagtgtctc ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttcctcca660
taaattatgg catttttctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720
25 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tggctctgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct ctcccccctc ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtc ttcaaagctg gagtctgtcc120

```

```

tcctaagaaa tctgccagtg gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttggtgc atcaaatgcc tggatcctgt240
tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300
5 tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcagc gtgacttgaa360
gtgttgcatt ggcattgtgtg ggaatcctg cggttccctt gtgaaagctt gattcctgcc420
atatggagga ggctctggag tcctgctctg tgtggtccag gtcctttcca ccctgagact480
tggctccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

```

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 643 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35

```

gggcccgcgg ctccggcgta ggagcggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggaacc 60
cgagcaggac tctccagtc tcagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgct ggtaacaggt ggggctggct180
acattggcag ccacacgggt ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggtcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcggtcc300
40 aggagctgac aggcgctct gtggagttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcggtcac ccactttgct gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcggtcgag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
tccagcttct ggagatcatg aagcccacg gggatgaaga cctggtgttc agcagctcag540
ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacggggtg600
45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

ctcgagccgc tcgagccgat tcggtctcag tgcctccaga ggactggcca cttttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacia240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcy aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcacatcc480
tgaaaagaag gagacaggga tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttcttcc540
cttccttttt tcttcttttc ctttcttctt tctctttctt tctttttaa atatttgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggagggtggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt ggtgtggga 860

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5  cggggctcgc ccagcctggt ccggggagag gactggctgg gcaggggagc cgccccgcct 60
   cgggagagggc gggccgggag gggtgggag ttttgaggc tcggagccac cgccccgcct 120
   ggcgccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
   agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
   gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggagggggc taccagggg ctccctatcc 300
10  tggggcctac cccgggcagg caccgccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
   ctaccctgga gcacctggag cttatcccgg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
   acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg ggcctaccc 480
   tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
   gcctggggga gtggtgcctc gcctgctgat aacaattctg ggacgggtga agcccaatgc 600
15  aaacagaatt gcttttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacg 660
   cttcaatgag aacaacagga gactcattgt ttgcaatata aagctggata ataactggg 720
   aagggaagaa agacagtcgg ttttccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
   actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gtcacttgt tgcagtacaa 840
   tcatcggtt aaaaaactca atgaaactag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20  caccagtgtc tcatatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaga 960
   atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattca 1020
   tcaatatccc tcttgtaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
   aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
   aggggggggg tgggt                                     1155

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50  aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccggccac 60
   attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaattctg aatgatacga ttatgcccaal20
   tattaagtaa aaaatataag aaaagggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct180
   gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca240
   ctttttggtt ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac300
55  tgcctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta360

```

atttgattaa tttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaa480
ttctaattaa aggctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1628 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

30 ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
gccgcttcca ataggcgctc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120
cgcgctctg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgagg cgcgaggggc gcgagttagg 180
agcagaccca ggcctcgccg gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctcccg gagcgtcggc acctgaacgc 300
gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccg acctgatcgc gagacccaa 360
35 cggtctgttg cgtcgctgc gcgtctcggc tgagctggcc atggcgagcgt gtgcgggctg 420
aggcggagcg ggcgtttctc gccctgctgg gatcgtgct cctctctggg gtcctggcg 480
ccgaccgaga acgcagcac cagcactct gcctgggtgc gaagggtgtg ggcagatgcc 540
gggcctccat gcctaggttg tggtaaatg tccactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600
atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgacca ggaggagtgc ctcaagaaat 660
40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
cctctgtccc aagtgtccc agaaggcagg attctgaaga cactccagc gatatgttca 780
actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tccctgggccc ttgccgtgca tccttcccac 840
gctggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
45 agaactctcc cctgccccctt ggctcaaagg tgggtggtct ggcggggctg ttcgtgatgg1020
tggtgatcct ctctctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc1080
aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaagall40
acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggagaggag gggagactat1200
gtgtgagctt tttttaata gagggattga ctcgatttg agtgatcatt agggctgagg1260
50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggtctg gcagggatgg gtttgccttg1320
gaaatcctct aggaggtccc tcctcgcatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt1380
ttcctcgctg atcgatttct ttctccagg tagagttttc ttgtctatg ttgaattcca1440
ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttgttt gtctgattta1500
tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa1560
55 tgtacaagtt taataaaaag ggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1620
aaaaaaaaa 1628

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacacagg 60
actggcttta tctcctgact cacgggtgcaa aggtgcactc tgcgaacggt aagtccgtcc120
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
ctcccgcgga cgtggaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
30 cgtcctgggc tggtggccg tcatgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcatcggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagtg caagggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
gcaggacctg caggcggccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480
cgtgctgctg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
35 ccaagggcaa gaacatgatt cggtggcggg cgtgggtggt tctgtttggg ccggcctaata600
gggtg 605

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2731 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

10 aggggggccc acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
   ggctgaggaa cctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtggttc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgac tcccgtggt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggccgcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
   cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacatgcccc tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccagggtcat gagagaatgg gaaggaggag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtggg atctttggaa caggaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaagcc atgctcaatg 660
   accgcccggc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
   ctgctcacgt gttcaatatg cttaaagaag atgtccgcgc agaacagaaag gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtgatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
   ggtcccagggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagtgtat gagctgcttc 960
   agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca 1020
   gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
   tttccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttgggctgt 1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccgc cctgctgccg 1200
30 accgaggact gaccactcga ccagggttct gggtgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
   ctgaagttaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa 1320
   aattggtgtt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
   tgggcccgtgt tgtcatagcg acagtgatcg tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac 1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
   agatgcagaa ctagacccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
   tcaactacca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680
   tttactcatt atcgctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaal 1740
   ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctct tatactacat 1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga 1860
   ttctctcctg attatttata acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggttt 1920
   gtgacccaat taagtctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcattg 1980
   gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc ttctctgac actatgcatt 2040
   ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgctttagag agattttttt tccatgactg 2100
45 cattttactg tacagattgc tgctctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac 2160
   acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct 2220
   tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
   taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat 2340
   tetccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
   aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt 2520
   caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgataca aaagaagatg aaaatggaag 2580
   tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct 2640
   tcaatttgta taaaatgggt ttttcattga aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa 2700
55 aactatatta ctggcagggt tataatatg c 2731

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```

gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggg aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
25 cctcccagag tacttccaac tctgggttg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggtctggtg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcacgaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa ttgattgat 480
30 ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga ttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaaactgaa ctacttttc 900
tctgaggct ttgatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat 1020
ccatattgag tcaaattgta ggcatttcct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta 1080
40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgga ctaatttcaal 1140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgccag gccggagtgc 1200
agtgggtgca tctcagatca gtgtaccatt tgcctcccgg gctcaagcca ttctcctgcc 1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgccggct aattttgtal 1320
attttagtag agacagggtt tcacatgtt gccaggctg gtttcgaact cctgacctcal 1380
45 ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccccgcgc 1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaaata ctttttacia tttaaaaaaa 1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaadc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagga 1560
gtcaaaaacta taaactcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt 1620
cacaacacttt tatactcttt ctgtatatatc atttttttct tttaaaaaac aactatgga 1680
50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac 1740
ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacia ctgcctcgac 1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca 1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc 1920
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac 1980
55 tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgatttg 2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tccatagtaac ttcttatgga attgatttgc 2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa 2160
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

25

cggaaggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
ggccgcacgc ccaggcccg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaagc 240
30 taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaatagaa 300
gtatatattat aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggtgccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420
aaaaactgtg tagctcggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
35 tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600
tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagttttaatt 720
gtgcaacttt taaccctgtg ttgctggttt tttgttctgt tttgttttgt attattttta 780
actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
40 gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
atatttcctt tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960
tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta 1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat gggccctcaa tttatttgtg gtcaccagg 1080
gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttggtgg 1140
45 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca 1200
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtgta atttaaaactc tgggcagcct 1260
ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata 1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcagg 1380
tagttgggat tcctaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc 1440
50 tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttgga 1500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc 1560
tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat 1620
gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg 1680
ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaactt 1740
55 cagaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaca aattgaagaa gaggatggag 1800
atttcgactt gg 1812

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgga ccagcgaagt ccgctccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcggtgga ggcttcccg cttggcgcat acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc cgggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatagggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtacccact ggggggttg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac ctttaataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```
ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
15 acctttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgaccc 120
gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgatttattg tggtgacaat 180
tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtggcca aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaaatggaa aacagatatac aggatgttga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggacagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccaggt tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
ccaggatata ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg gggtcattgct 540
gtgattgtta ttgccatagt tgttgaggtt gcagtaattt gtgttgctcc gtacagatat 600
cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgct 720
agtcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgtgt attctgtagt ttcactctca 780
tgagtgaac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaatttaggt agcatccttt 840
gatgcttctt tgaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
taacacttag atttatttga ccagtcagca cagcatgcct ggttgattta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt 1020
ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaa 1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt 1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
aatatgcaca aacttggtt ctttaacca gaattattt ggaaaattct ctaaaagtta 1260
35 atagggtaaa ttctctattt tttgtaatgt gttcggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
ttcagaatca gatgcacct ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
tgccacttca tgggtcggaag tgaacactgt agtcttggtt tttcccaaa gagaactccg 1500
tatgttctct taggttgagt aaccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
40 tccttaata aagagagggg ttaaacatgc cctctaaaag taggtggtt tgaagagaat 1620
aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattctagt ccatttacat tgccttggtc 1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaaagtaa 1740
gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga 1800
tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac 1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc 1920
cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttcctt 2100
cctttgtagt ctctggcaag atgttttagg aagataaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagtta taccggtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaataact tgtatagcag tttctgcttc 2340
acatttgatt ttttcaaatt taaattttat attagagatc tatatatgta taaatagta 2400
ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa 2580
atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25  ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgcgc gcctcatcgc 60
    cgtcatcgtg gtgggtcgtg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctgg tgatcaccaa120
    ccggagaaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
    ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggg240
    atcgtccccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
    cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30  gcctcagggt ctcttttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
    ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
    ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
    cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaagtgtt ttagatggga aatagcggtt ttatcgccct600
    gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccgagga gaagaggagt660
35  ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
    gcttgctact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
    gacagacatt gcccggaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
    tattggtaat gttctttttt gtaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
40  gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaaa960
    aaaaaaaaaa aaaaac

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttcgggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttccc 120
15 ccgcctgggc cagcggagg gctcctgcgg cagcagccag aactgaggc tgtgctgaac 180
gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgcaa atttgaagaa 360
gaatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcacccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaacttga tgaattaact 1020
30 taaccaagag ggtatttcta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc 1080
tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcatc atttgtaagc tagcagatct 1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcctttcgc 1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt 1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaa gtacttcaaa 1320
35 tggtaatgtt tttgtttttg taatagctta acaataaac ctaggttttc tatattaaaa 1380
aaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

```

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60
ttttctttct ttcttttttc ttcccttttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180
atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccaggt tttttaccg ctttttaaga 240
tggccaattc ttcttctccc cccacccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgaggtaga attccaatta 360
cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gttcctgagt ccagtattta 420
caatattaca gcactagcag atcagtgtct acaactcctc tttttctgct gtatcctctt 480
caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagtttgct gataattggt tgaacaattt 540
cttcagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttg tggctttcca 600
gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatggtctc cttatcttca gaggaaagt 660
tacctccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaattaggca tagctttcca 720
actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttcctcagca aacttctcag 780
catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctggtca ttggtgattg 840
tgatcttatt tttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
catctatctc aaaggtgact tcaatctgtg ggacccacg aggagcagga ggaattccag 960
tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag ggttcttca ctttcataga 1020
ccttgattgt aacagttggt tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg 1080
taggcaccac tgtgttccct ggaatcagtt tggtcatgac acctcccaca gtttcaatac 1140
caagtgaag gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga 1200
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg 1260
atggttccct gccattgaag aactctttta ccagttgctg aatctttgga attcgagtcg 1320
agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca 1380
ctttctggac gggcttccata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg 1440
cccagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg 1500
cttgatgctg agaagacagg gccggtttgg ccttttctac ctgcgcgcgg agtttctgca 1560
cagctctatt gtcttctctg acatctttgc ccgtcttctt tttgtacagt ttgatgaagt 1620
gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca 1680
caacttcgaa gacaccattg tcaatggtga gaagagacac atcgaagggt ccgccacca 1740
gggtcaaacac caggatgttc ttctcccct cctcttctc caggccataa gcaatagcag 1800
ctgccgtagg ctggttgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt 1860
tgggtgcttg gcgttgggca tcattaaat aggctggtac agtaacaact gcatgggtaa 1920
ccttctttcc caaataagcc tcagcgtttt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa 1980
tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggt 2040
tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgctgc acagacgggt 2100
cattccacgt gcggccgatg agccgcttgg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg 2160
tgagctggtt cttggcggca tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat 2220
aggacggcgt gatgcggtg cctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga 2280
acacgccgac gcaggagtag gtggtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg cccacgtcct 2340
ccttcttgte ctctctctcg gccgcgcgg cgctgagcag cagcagcctc gcggccacca 2400
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta 2460
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgggg tcacaaggcg 2520
ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgttcc ctctcacact 2580
cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcctc gaccttag 2639

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctccacacctg cccccgccc 60
 gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgcccta ggcccgcctag ccgcccgcct cctcctcagc120
 20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
 cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
 gacaacctca agtgcctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
 gagggttcct gcccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
 tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatg ctgtgggaag420
 25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
 agaaagtctc tgcctggccc tgcctctggt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540
 actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttcct ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
5 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccaggtt gccagcccgg cgagttcacg300
ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcacc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggtgagt gcacaggtgc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacacccat600
tgagggagct gggagaccct cccacagtg ccacccatgc agctgtctcc caggccaccc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaa 719

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
40 ttgcgttcca aggcattctgt gagcccgcgg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatggtg gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtgacaac agaacaatat tggaatggtg gtaatacgag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
45 tctctctctc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
cttataatat ctgc 494

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```
20 acgcggetga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttcttggtc 60
ctccttctctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
cactctgcgc ttcacccatgg ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
tgtggtctcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
ccgctttccc aggcgcctgg tggtccttgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25 gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggatgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
cttcgcctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacccatttt ccctcatgac 540
cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
gaagttcctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30 catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
tgcctttccc ctctgcctgt ttcttttccc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttctaaacc 960
35 ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaal020
taaaggcgag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcctc ttgcgcctct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120
10 gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gactaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtaccta aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acatatctct ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgctcaa atcttttttca aatttaagt atagtgtat ataaggtagt attcagtga420
15 tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaagtgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatggt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga ggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtccctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgacagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
45 ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaa gtaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtctca acccgggcat 420
ccccattggc acaagggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttaccg tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccttcattg tacgacacc ctcaagaggt 600


```

ggccgaagct ttctgtgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata1140
10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggg1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc cttcaaagg gacacgagag1440
15 ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgtgaca gcagcacatt gtttactgt1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggctcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc1620
tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca1680
gactatcagg ccattttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc1740
20 tccaactacc acttgccagc acaaaaagga agagctgctc ccgcagaag agcaaaagaa1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaactt tgatgtgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcacagca ctgaagtcag 360
ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55 acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

5  tgtacaagac tgatctggag aaggacatta ttccggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
   tgatggttgc cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
   tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
   ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
10 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttgaaagc atcaggaaaag aggttaaagg 840
   agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
   tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
   aatcatggtc tcccgacgtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
   gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaaagc1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgcga cgccctgagc gtccagaaat1140
   ggtgctcacc atgcttccag ctaacagggtc tagaaaacca gcttgcgaaat aacagtcccc1200
   gtggccatcc ctgtgagggg gacgttagca ttaccccaa cctcatttta gttgcctaag1260
   cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgaagccaa agaaatgaac attccaaggal320
   gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaacc acgtactttg tggccctgct ttcaactgaal440
   ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
   gctctgggac tgagctgtac agtatggtg cccctatcca agtgtcgcta ttaagttaa1560
   atttaaatga aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

45  gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgc ctggagtccg acgtggaagt tgctggctga 60
   ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaaac actgaagatc 120
   ggcgaggagg gacagggggg tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat ttccagctct 180
   gtttggaact cgggaaatga gaattttaat ttggggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
   aattttgtac agattacaag tgggagaagt tggttactact atacctacca ttggatttaa 300
   tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50  aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
   agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagtgt ccatgttgga 480
   ggaagaagag ctgagaaaaa ccattttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
   ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
   atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55  gttagtgtga acattaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
   gactacatca cctctctccc tttgaaaaca gtcaagtgtg cttcacacta ctagatgtta 780

```

5 aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatatctt atttgtatgg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020
aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

 (vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

25 ICLLVHVFVSR AKTVNLTFYS WWVITENKDL FSCSLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIADVVD NIAISGMLQA60
 FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTLTFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVFKNS60
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYTFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTTS60
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVVS 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQCIQKELDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLEIFILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LRKRFETTAV120
10 NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLELEKYPQAI YTLCSICALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSDT NIRWNNYIAG360
10 RAFVLCSAVS DFDIVTIV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESY KETLSVPTVE 60
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFTNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDLD LMVDYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYMGES ILPARGESQ LLCLYFYKEI60
LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGECSWTA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQROQKEE60
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60
ADVYGGKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60
AMYKLGY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20 QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRGN PMKAVGLAWA IGFP CGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35

EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESEGS 60
SEKSSAASEE EEEKESEAI LADDDPCKK CGLPNHPELI LLCDSDCSGY HTACLRPPLM120
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEADAIED DIKEADGGGV240
GRGKDSTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYRVGFRFF RGGLEDFDFF FFYVIFGKTH SELYLST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLVG ACYWEQVFVQ KQSESICIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLC60
L 61

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSP DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGQSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
40 KVVYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGLH RPFRRSGLNRM LEPRLDSDL60
RF 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSESSEKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLSIRKIKQ NTSPARLTCV YIIYKQKATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVMWF SFKLLFLES RIYGYNVC SL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGGKRRK RRGE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILIYSHE FLPLVTIQML PSIIQIAQP60
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPREKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

KSLFLTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60
KDCSMAALTS HLQNSNNSN WNLRTSRKCK KDVFMPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120
EDEGVDDVNF RKVRPKPGKV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGLINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSEAVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
5 EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQQTQMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSE LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSWLAVI SGSHKFVFAS QSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP.GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILEFDV120
VVLEFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGfHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQOK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPWCCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWYIIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
50 PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDS DGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGRITVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDFSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LQSRVQRKQ PTVSRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSPSPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPSTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCPPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLFFP SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

LGDSSEMPLL ALKCPVRLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QTLRSWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGI HAHSPDPRLQ GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLPWHLRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPS120

GCYRY

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20 RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
25 SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVHLHAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIIWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETLFKLFSL LDEKDGVMVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5 KTTIHGPCQN HLPFPHCFK RPTLSKGD IDSSQEGFRA SIRAWVLAP LLSEQQGFQG60
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPSSRSSL AGQTNTQHS SARES 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSLSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISRSQ PYRVCQTWLR RSKARRTST SDSSRLAAV A 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLA AH ASLRFACLLL LENRFFGRQW IFLLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVERVSPQW 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60
LFEKGDVNGE KEQKFYTFLLK NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
WQHLPHAH TTHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
KKKRKKKKKK 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60
DSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KPKVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 45 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFGTE LGISPVARPH120
TGLLGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRGLGES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
NQKKEKKEKK KKRSEFKGQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
LKKTAVKTVW VEGLEDGFT YYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20 GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REEKKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
KGNEVMIO 68

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYNGGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQKGP120
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHVFVN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLALVAGE VLQDHRLLAQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSIMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGYR RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYPAKLRV HCGNRWLYFL HLEQIPASV K 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLC SG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

20

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35

40

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLI SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
FISAISRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLN RVNLEES300
SGVENSPAGA RPKRKNKKS Y DLTPVDKFWQ KHKGSFFPEV AESVQOELES YRAQEDEVKR360
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
45 LVLKQQNLPV TRILDNL MEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRKNP FQEAIVFVVG600
GGNYIEYQNL VDYIKGKQ GK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLQOK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMVESPT 60
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGK C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35

QLGWIFYFMS YPLHAHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
SPSVPQTRL D IWEQVG DSTM CSQM GILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TIISITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHAG 60
SDSLLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60
IYTRKRS LNI FYLLIPSCRT RLILWIIYYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLGLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180
PRNRIKQPNR IKLR CR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIHSLAD120
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQKGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
NLE 123

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

30 NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
ILSSIEFMVT QCQVVIYIYI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
GDSRRMKIK 129

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20 SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFRL GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHEGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
YGGI 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIOTLKSNSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

50

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGP HQYLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI V LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEETEEALEA MQSRLATLRS180

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

30 LMPFQSQNLQ ERWLPQMRG RKRRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGE GSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

50 KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFP 60
EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVLGL VVSSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

50

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVORTE KTRKRSSWF WWNYQELLIQ120
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YR 132

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LF AISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPOLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

ATLPPDALPPA TKFFLKAFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
5 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAT NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPSQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMRTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFIVG VIIGKIAL 158

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV' VTTSVKGPLN 60
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
STTFLCWQIC FQIDF 135

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFIICC120
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNAS YSVNFSSTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120
PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180
FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKEYQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDEVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 AVAAMSKDN NMQHRYIELF LNSTPGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180
 5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYYGQGG MSGGGWRGMY 220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60
 TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
 ACAGCAGAGA GAACAACCTG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTCTGTAG CCTTGGATGC 240
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTTGA TCCTGACTCG 300
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGGA 480
 CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAAG GGATAATTTT 540
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTGGCCCTTT CCCTTGTATT 660
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACTTC AAGTTTTATC 720
 45 ATTTGAACTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
 AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
 CTCTTGACCC TGCACGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
 CCTCACACTG TATAGTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTT GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
 50 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAA1080
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

```
ATTCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCAATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACC GGTTGTT 240
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCCG CGACATCCCT 480
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTTGGCCAC 600
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660
TTAGTTTTAT GCTCCCATG AAAAATTTT CACTATTTT ATAAGCTGTT AATTCTTGA 720
GTACTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGGATA AACCAGTAA GTATTTTTT TTTGTCTTTA 780
35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840
TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTTATGATA 960
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080
40 AAAAAAAA 1088
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

ATGCCGAAC TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180
15 CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300
AAACGAATAA AAGAAGTGA TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAACAGAA AAAAATTGAT 360
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCCCT TGAAGAGAAG 480
20 GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTTCTGAG AAAGCGGTTT 660
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720
ATCTGTGAGA GCTGTATTCG AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACCTCTTT 780
25 TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAATG1020
AAAGTTGTTG CTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080
30 TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTC GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAAGTGA1260
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAACT1320
CCTGCAAGCA CTGTGTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380
35 AATAACTATA TAGTGGCCG AGCATTNNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATT1440
CATTGTTACT ATTGTTGTTT TTAATAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500
CCTNCCANGG GGCAACCTC GTGATGTCTT CTTTGC GGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620
TTGAGGAAGC CACAAATTTG GCAACCAAAAC TTGATATTCA AATGAACTC CCTGGGAAAT1680
40 TCCGCAGAGC TCACCNAGG GTAACCTGGA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740
AAGAAACCCN TAAGTGTCCC AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAAGTTAA AGATATATTC1800
TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGAAA1860
CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920
ATCCTGACAC GCTGTCAGCT GAGCTTCATT GTTGGAGAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980
45 AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTT2040
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100
ATGAGCGGTA TGAATATGGN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGGA TATTAACA2220
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280
50 TACAGATAAT TCCGAACTG TGGNAAAATA CTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAAT2400
TCTTTGCCA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460
CCCCGTTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTT TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520
AGTGCCATGT TTCCNTTTTG CGTGATCTCT CTGTGGAATT CTTGAGTAA GTTTGAGTAA2580
55 AGTCATTTTA GACATAGCAT TTATTATCAC TGTGGNATCT CTAATTGTTG GGTGTTATGA2640
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700
NAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTAAGTA2760
TNGTTAAAA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAATT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820
CTACCCNAAA CAAGGNATTT NCAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAT2880
60 CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTGTGT CCNACATCTC NGTTGCTGAT2940
NNTACANTTC CNNNTTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTTNA GCANGGTATA3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060
 TGATTGTCT GTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120
 GATTATAAG CNAANNCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240
 5 TCAATCTAAA TAAATGTGA ATTTTGTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30 GG TAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240
 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420
 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540
 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660
 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720
 TACCATACTG CCTGCCCTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGTTCTGC 780
 45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTGGAT 840
 GTTGCCCTTA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```
AAGGACGCTT GCCTTTTTC GGTGCGGGGAA GGGGGAAGAA GGTAAC TTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGT TTGGTGG GGT TACACGC GGGTTCAACA 120
TGC GTATCGA AAAGTGT TAT TTCTGTTCCG GGGCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTT CAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAA ACTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GACTTAAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTA ACTATAG AAGTGAATTG TGGACGTA AAA ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATT TG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTCTTTGCA GTAAATATTT CCCTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCTGT TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTTCTT TTAAAAAGCT CCTGTTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATTT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

```
CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120
CAAAAGGTGT TGGCGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTTG CCCCCTGTG GGTGGTATAT TGTGACCAGA600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAATA AAAAAAAAAA720
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA                                     739
```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCCC TCTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAG GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CCTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACATCTA1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTAAACA1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCACCTAGA1320
GCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380
25 CTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTT GAAAAGGTTA1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTG TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTCAG TGTGGTGTAT1740
TATTAAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTCCT TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860
TGTCCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTC CTGCTGGATT1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTC GTGCCTTCCT TTCTTGATC1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100
CCTGGGAATT CTTGCGATTG CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
TCCTTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240
10 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360
CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420
TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCTCTC AATCTGGTTT 480
ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCAGG ATTATGTTT 540
15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660
TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720
CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780
TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTAAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840
20 GGTTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900
CTAAAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTTC TCCAAAAAAA AAAAAAAA 960
AAAAAAA AAAAAA AAAAAATTGCC CCCAAGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60
CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120
NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180
CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240
AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAA GAGTATGCAG GCAAAATATAT 300
CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360
55 ACTACAAGAA GAACCTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420
TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAAGTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCGNN 480
ACCAGGTNNG GGGGCTTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600
CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
5 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCNNNC 840
CACCTACCC CTACCCCTCG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900
GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960
AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080
10 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140
GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGTTCTG1200
CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCTTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCACACN1260
TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320
AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCGNA AGCCCTTGTN1440
GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTACTC1560
TGTCCTACTG TATCTCAACA CCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAAA1620
20 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA GG 1652

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60
CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
ACCCTCGATT GGTTTTCTCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180
ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAT AATGAGAGAA 300
ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360
TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480
AGGTTTATC TCTGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540
55 GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600
TAAAAAGAAA AAAAAAAGC CATTCAGGTT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660
GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720
CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780

ATTTCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840
GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTGCGT TCAGCGAAAC TTAAGAAAGA1020
5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAAGTGC TGTTCCTGTA CGTAGTGTTC AATCTTCCAA1080
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTTACTATCTG1200
CCAGGAACCT GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320
10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60
AAGTCGGGGA TCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120
40 CTCCGGCCTG CCACTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTCGCA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACC CGGC360
GCTATGTGCG CAAGTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTCAAC AAGGCCATGG480
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCCA600
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCCAGGTT CTGGATGAGC660
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTGCA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG GAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGAG780
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCTGCCA CTCCGAGATA840
ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAGAG ATTTGACACT900

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAAGTGA AAGCCGGAAG 60
GGGCAAGACG GGTTCAAGTC GTCATGGGGC TGTTTGAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCC 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTGAAATTA 600
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGACTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGCAGCT AGGGGCTGCC TACCCGCTG GGTGTGCACA 780
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TGTTTGCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTtag GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080
40 GAATTTTAAT AAATTTTGC TTTAGCACTT GGCCCATTTG TAGATTGCCC TGTGCAGTAA1140
ACTTT 1145

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```

GTTGCGACAT GCAGTGCGCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCCGG 60
AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
15 CTGGTGCAAC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180
GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
TAAAATTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480
TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540
TGGTTTAACA GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAACCTCAT 600
GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25 ACATTTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
TGCGCCCACT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
CTTTGTGTCC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
TTACTCAGTG GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCTTTC TGTATGATAC1020
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAAA AATATGATCC1080
CATTAACCTG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTTATGC GAGTTGCAAC1140
TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
TACATCAAAT ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35 GCCTCAGGTC TGCCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAAAC1440
AAGTTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCACTGA1500
GTAATAAAAA TTTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
TAATGTCATA AGTGATTTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
40 TCTTTTGTGT TTTTAAATAC TTAGAATTA GCACTTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740
TAACAAAACCT GGTTCATCC TGGAACAGGG CACAGGTGAA TGCATTCTCT CTGCGGTTGG1800
CTCCCCAGTG GCCCGCCTTC CCATATAGGA TGTGGG 1836
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```
15 TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
    TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
    ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
    CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
    ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
    GTTCTCTTG CGCCCTGGT CAGATGGCG GATGAAGCCA CGGACGTGT TGTGTCTGAG 360
    ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
    20 AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
    TGGTTCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
    CATGACCTCC TGAAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
    ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
    GGCAAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAA CCTTTGTGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
    25 GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
    CTGATTGAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
    CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
    TAACATCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
    GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
    30 GGCTGCACAG GGAAGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
    CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
    GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCTCTG TAAAAAAA1200
    AAAAAAAA AAAAAAAA 1220
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

5 CGCAGTGCGC AGGCGTGGGG CTCTCTCCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGCG GGCTGGTGGC 60
TCTGTGGCAG CGGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCCTCAAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACECTAT 300
TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAAACTTCG CTATGTTGCG AATTTGTTCC CGTATAAAGG 360
10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
ACATACTGGC TGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
AGGGGAAACC GACTGGAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTC CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTTGCCT TTAATGCAGA 720
ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTAAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
ATTAGTGAAT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTGTCTCTGA 840
GAGCCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTCAT CTGGATGTAT1020
TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TTAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
AAATTCTGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTCAT1140
ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TTAAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG1200
TCACTTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
25 GGAAATAAAA TTATTTTGCT GAAACTTGGA AAAAAAAAAA AAA 1303

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

50 CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
TGGACGTGGA ATGGGCCGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTTGATAG 120
GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
55 TCACAACTGG GGAAGTGTCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

AGAGGAGGGT CAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAG GCTATTCAAA ATAAGGACCG 420
GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGAAGAA 480
GGGATTTGTT CTTTATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540
CCATCATTTC CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
5 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGATGACCC 720
AGAGGCATTC CCAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780
ACCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAATAA 840
AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900
10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTGTAT TTAGAAATGT 960
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT 1020
GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTTCCAA ACTTGAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCAAT 1140
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTAAATA CCTGCTTGC ATATTCACAC 1200
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGGAAATACT 1260
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTTAATAT TTTCAATTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC 1320
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380
GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCATT 1440
TGGGGTCCAA ATTATAACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT 1500
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560
CGGGCCAG 1568

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

40

KQVKCAKVS Y LLFLFQYCAI DSCIKFWNAG SSWLSSVT LW SMSSVLSAS NVGRVRIKSE 60
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL120
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

```
Name: 275          Len: 143 Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVVGVSAV LGTGLDELFFV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFM QESMAQYWKR NNK                                     143
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

```

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
35 T

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGal60
RDVGGLFVLH VDLVQHLLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
ETSEGEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180
IPLDGHEADE IPEGLFTPDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEEHLPVLV RFVDESHNL R EEFIGFLPYE300
ADAEILAVKF HTMITKWL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
SCALNMWLA SVPVMGVSVA LGTIEEVCSF FHXITTAFR T 401

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIPLPSTI 60
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

```
GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGRIL RRSRPRISRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEDED EEEEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEEKESEE ILADDDEPCK KCGLPNHPPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLLCE KLEEQLQDLD VALKKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKSKA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

```
SSEKSGSCGG MMFSILIPY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRHT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180
VDSSSTSSSP SPLFLSAF 198
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGR L FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60
VRNDCKVFRF CKSKCHKNF KKRNP RKVRW TKA FRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRT60
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120
10 YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
35 TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPRWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLRGWG DQLIWQTQYE EALYKSTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLN PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50. 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPCNCRPS PEVGVNTSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35

GGXGXQLLXP XAXQGXPAA S CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60
MDLHGFPKEX GQXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120
WXRTYLR LGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60
XEXMXXGFEQ NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXMDH XXGFQXRQIR120
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

RAAKILKGGI QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSSLTGMAFF KMREFFEDH IDDAKYCGHL60
YGLSGSSYV QNGTGNEYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNAF FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMMNRQ120
LKLPIQIKIM MEFERQAEIM DMKEEMNDA IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFIISF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15

KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RKRRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120
SAHEALLKI 129

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
10 MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVLGL VVSSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRGTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

40 (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSRYQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLEYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGVII180
QHKEKCNQ 188

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- (A) LÄNGE: 320 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDPIIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAT NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60
AEAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKEYQKQ ISYNSDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGR GRGGRGRGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFFALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLPCTRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNKVP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180
FWNEPVRPSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMW240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120
ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNEFVVCF 208

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
5 umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12,
20 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß
25 sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108,
30 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
35 chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
40 gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
45 gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
50 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.

20

25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

35

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.

40

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.

45

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.

50

31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

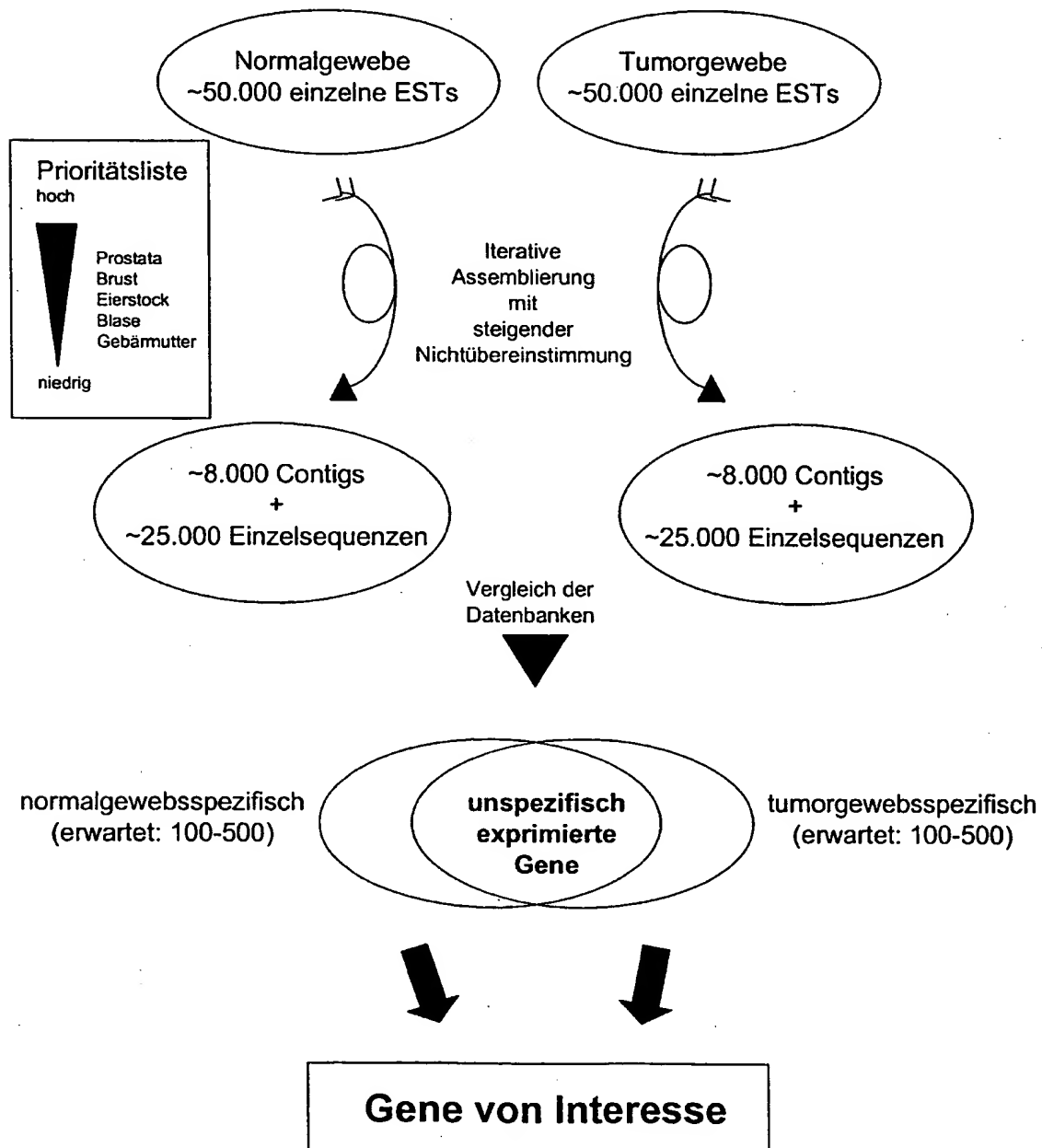


Fig. 1

ERSATZBLATT (REGEL 26)

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

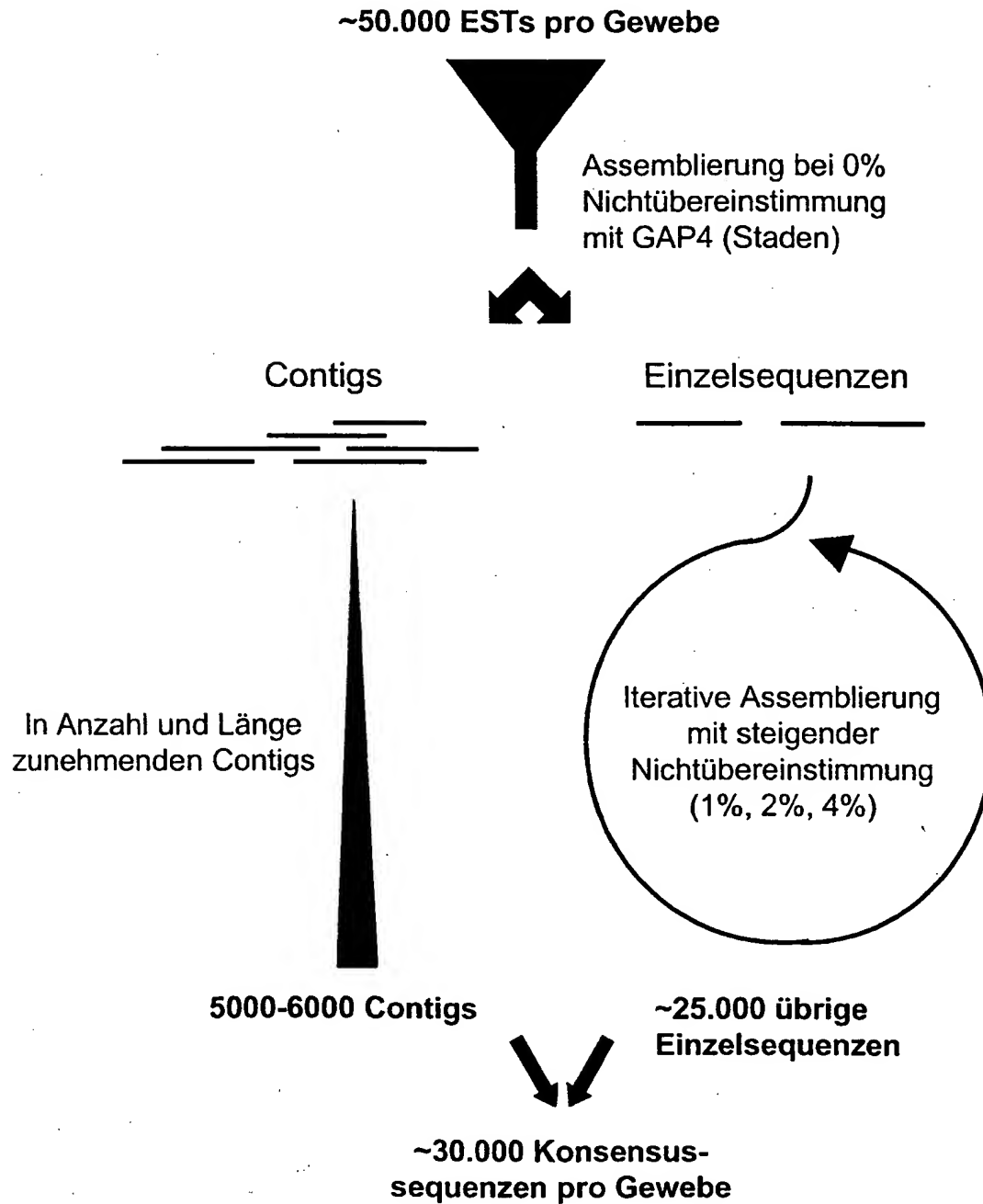


Fig. 2a

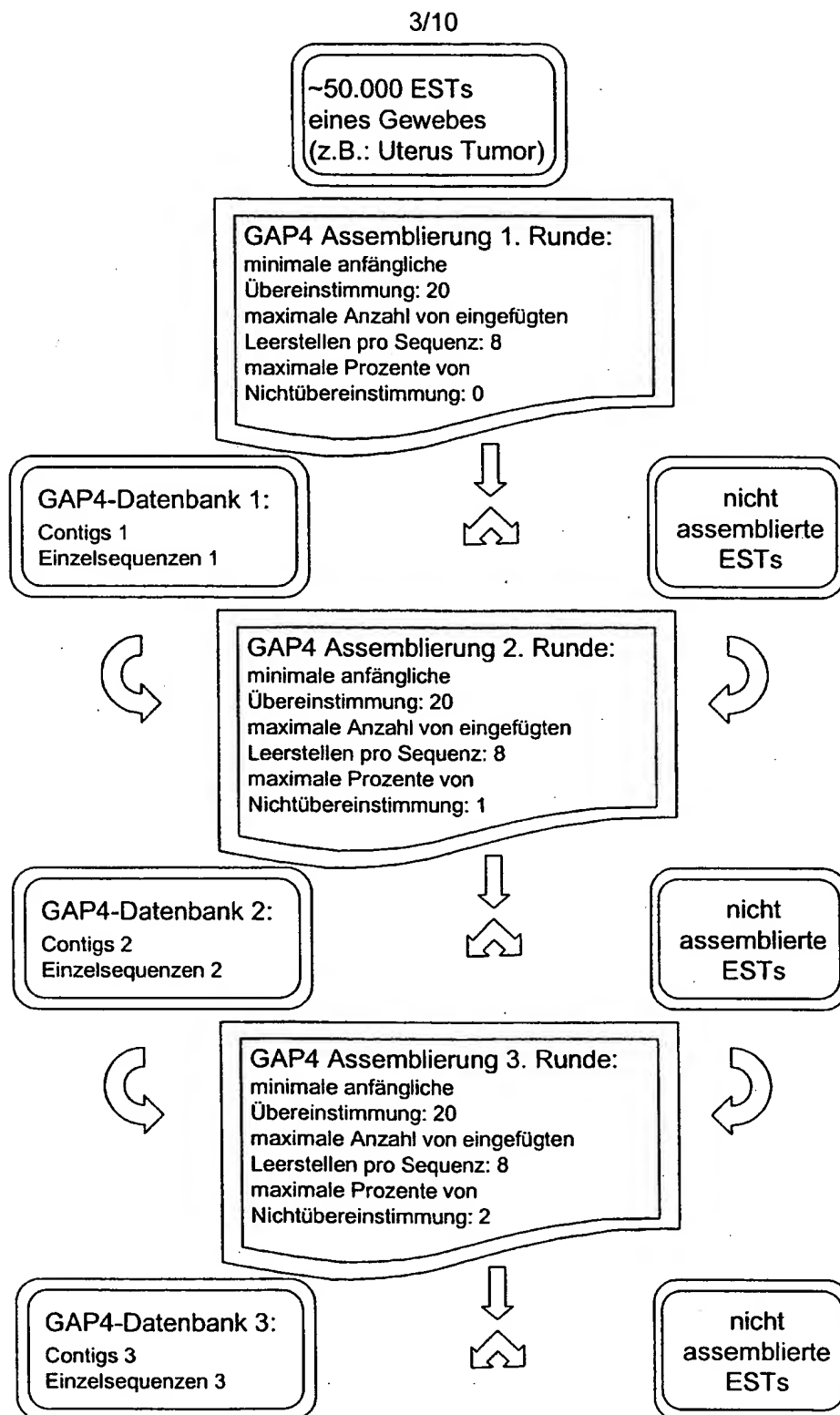


Fig. 2b1

4/10

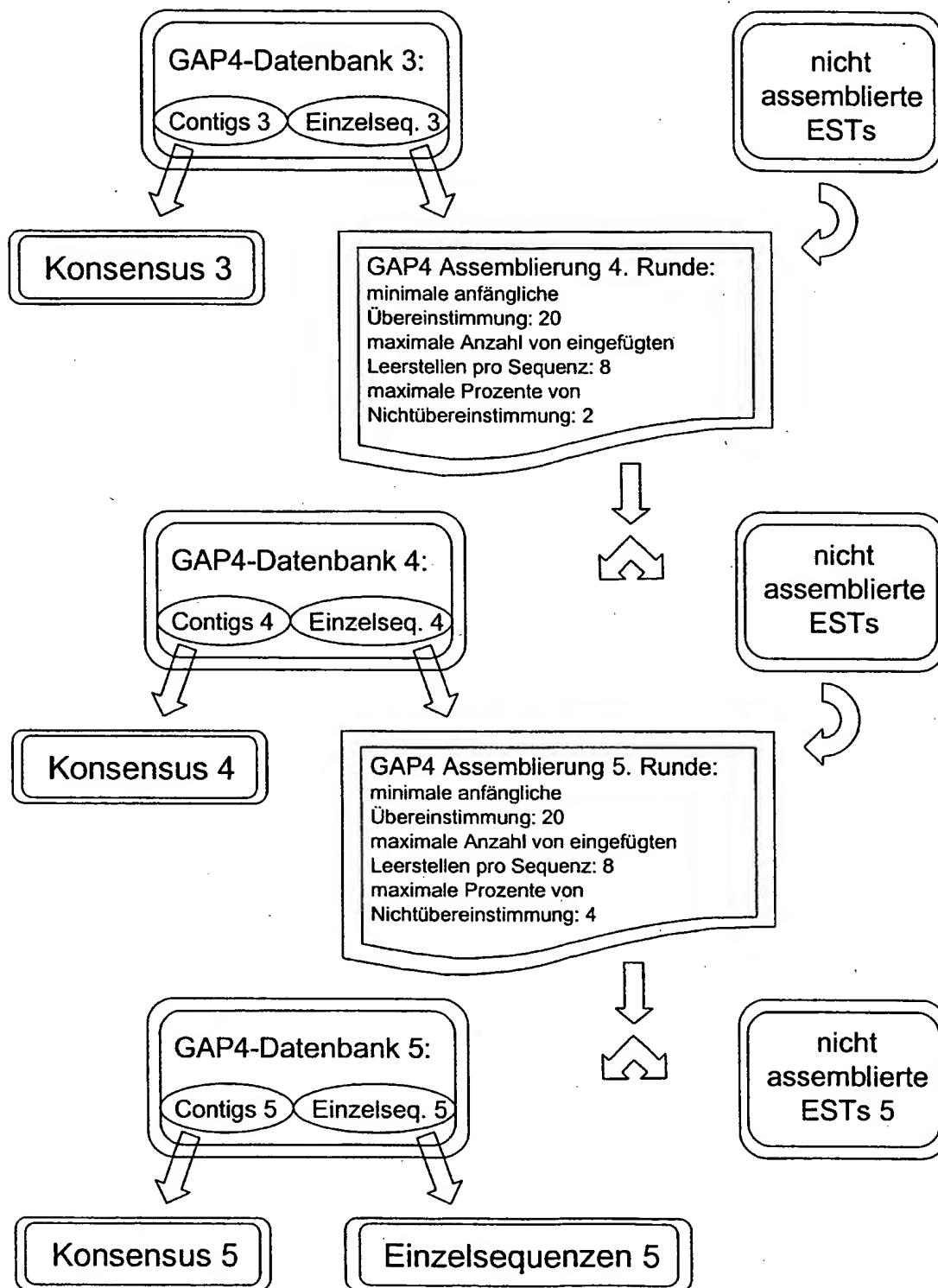


Fig. 2b2

5/10

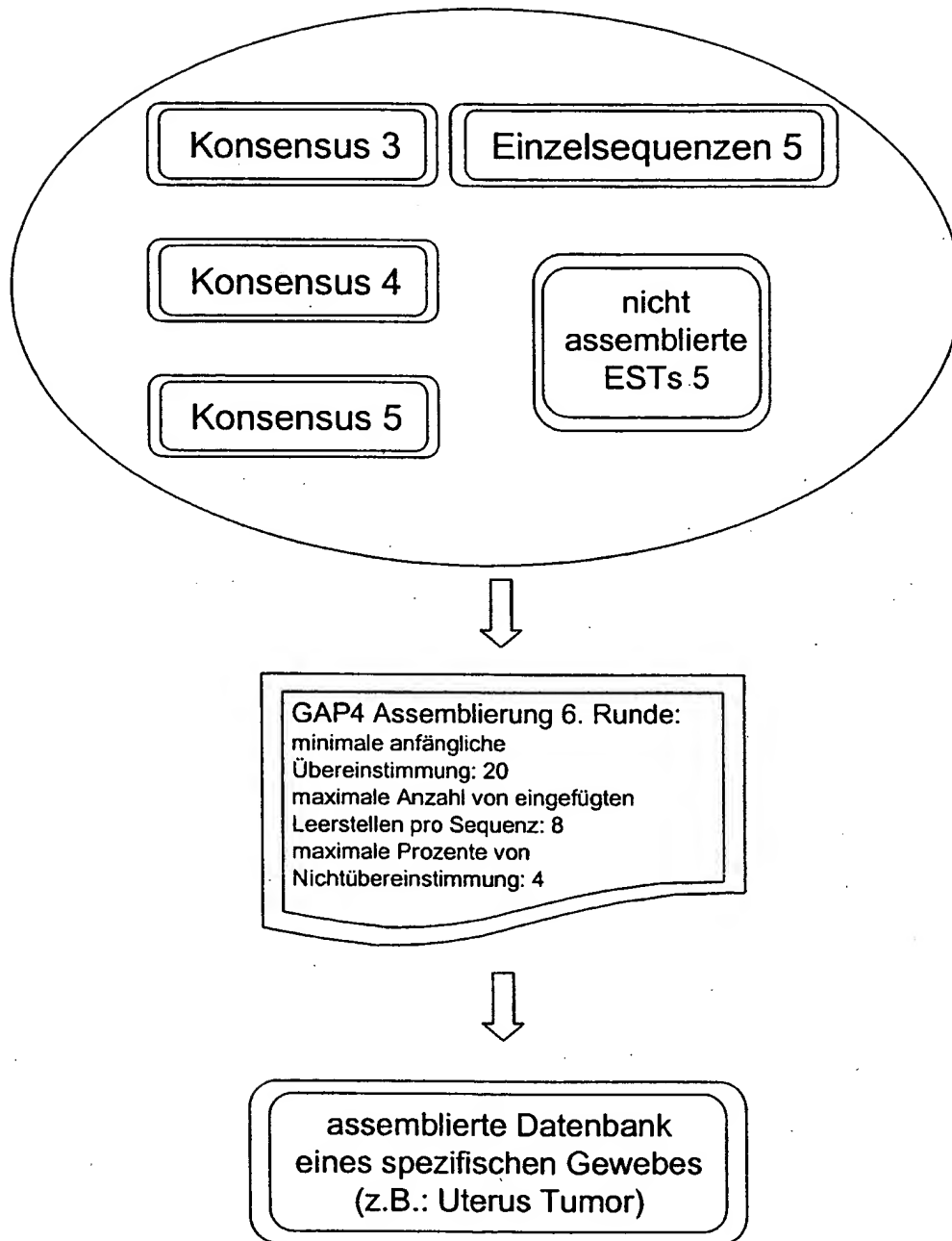


Fig. 2b3

6/10

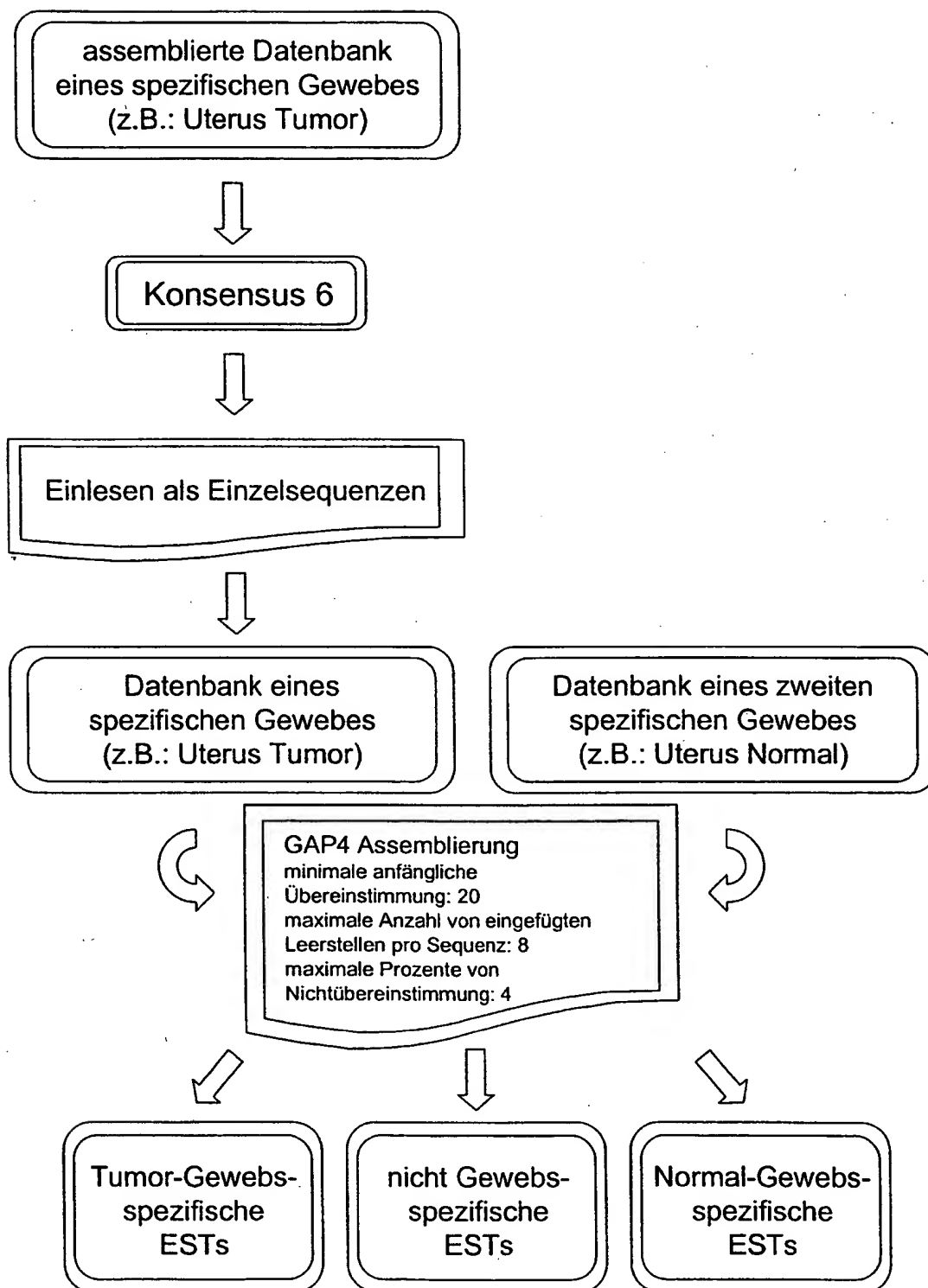


Fig. 2b4

7/10

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

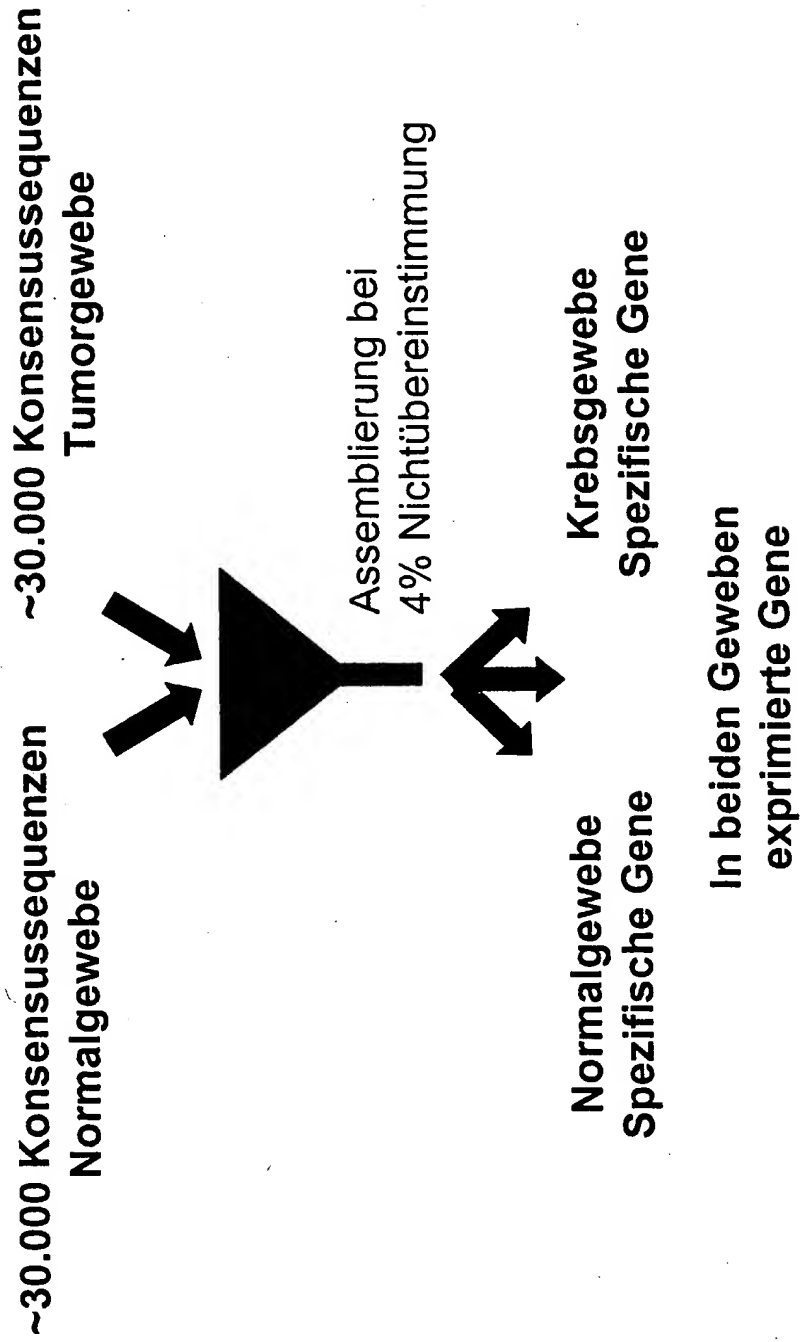


Fig. 3

8/10

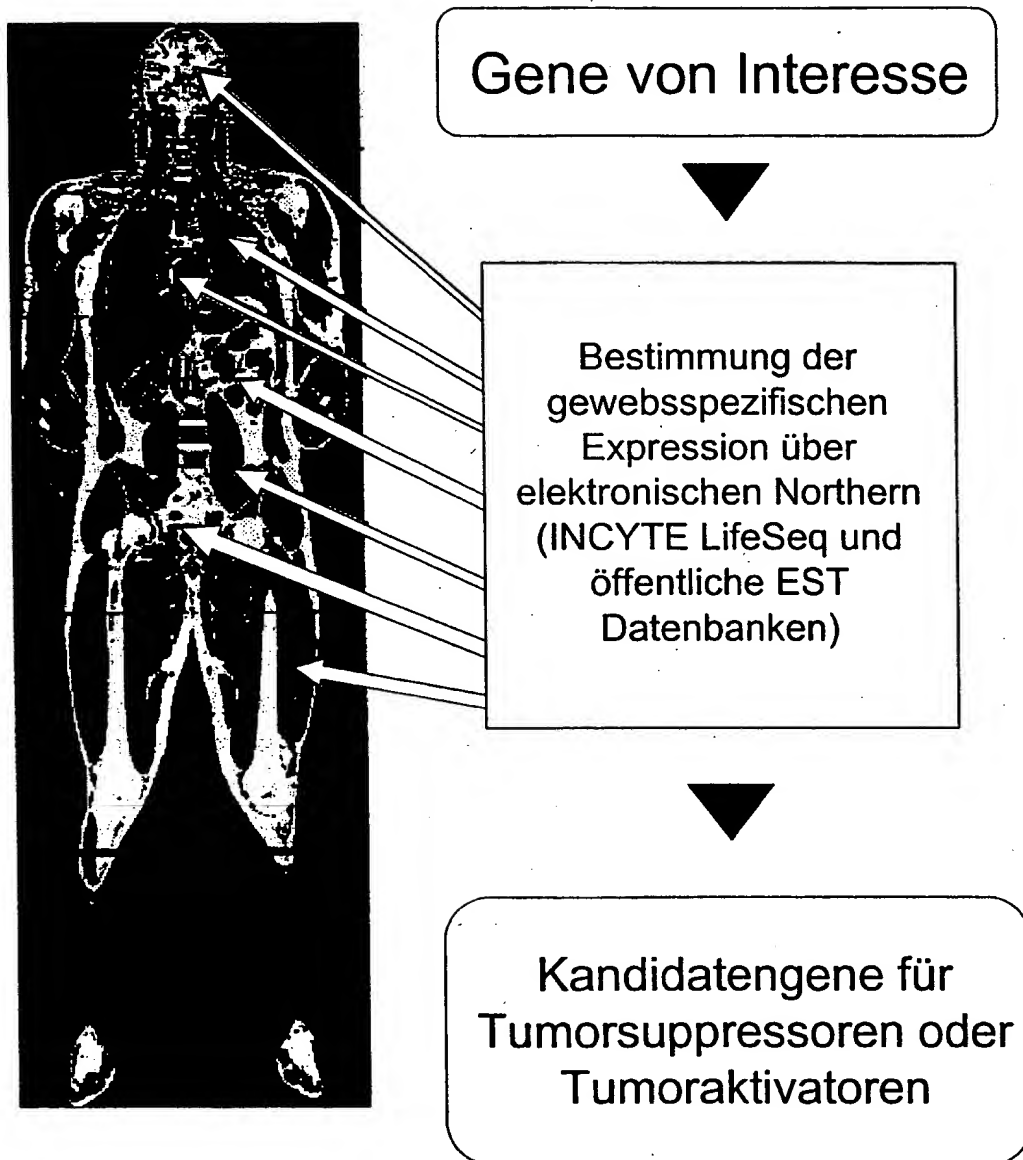


Fig. 4a

9/10

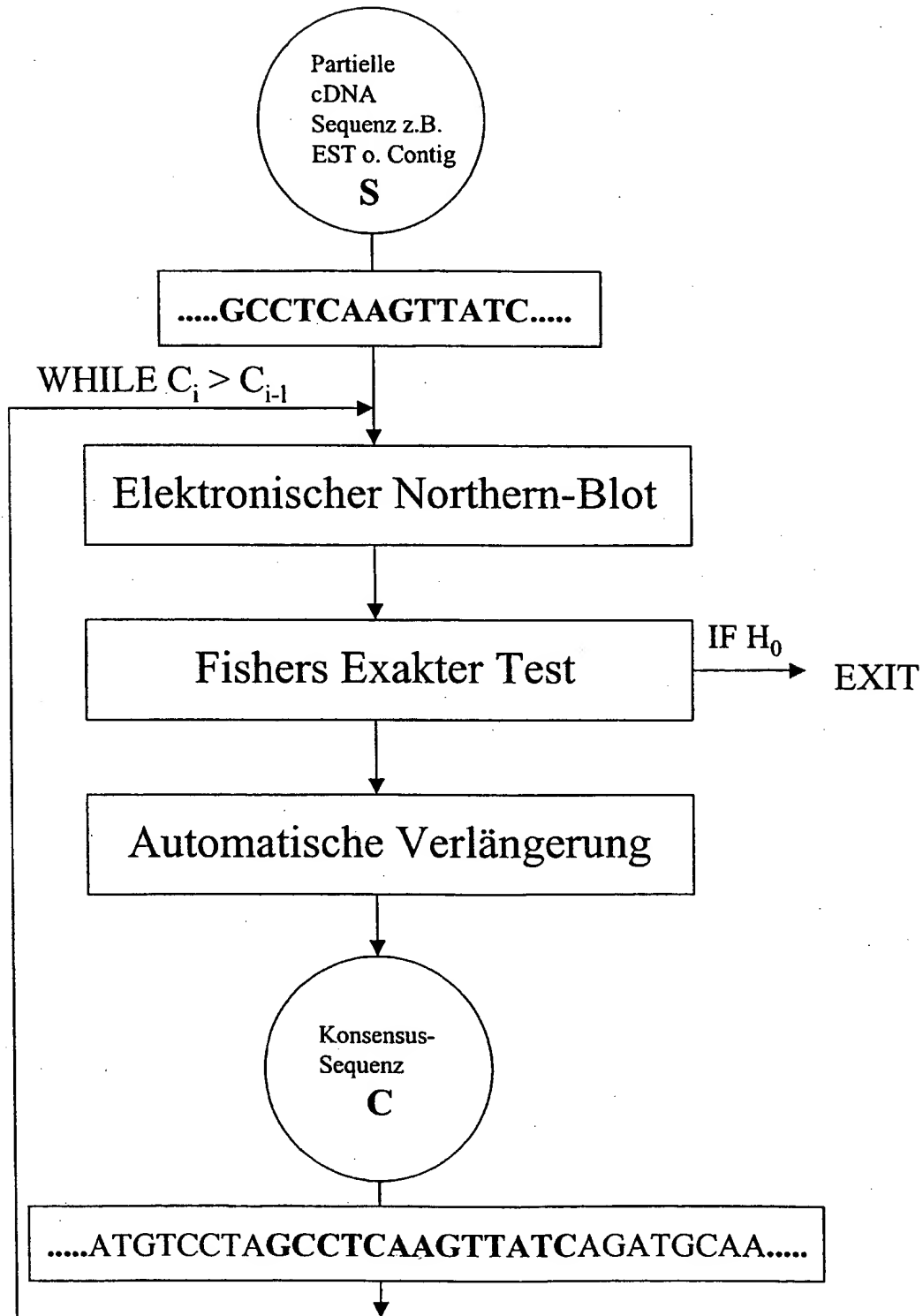


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☐ FADED TEXT OR DRAWING
- ☒ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.